



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 620.7
㉔ Anmeldetag: 21. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 28. 10. 99

㉙ Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 620 A 1

㉚ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉚ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉚ Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ㉙ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal
㉙ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-
dieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt. Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasen normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLeo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_g, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die expri-
miert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

10 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebesvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

30 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

45 Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

55 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.203	0.0819	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909	2.0372	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	15
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626	20
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoesperchen	0.0139				
Cervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0253				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0182				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0377				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0090				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0042				

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust 0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis 0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata 0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0803				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0128	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0050	60
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0333	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223	1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144	69.2517	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0152	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0259	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0167	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duenn darm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	20
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	30
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				35
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				40
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	45
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	50
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	65
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	65
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0490			
Foetal	0.0017			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0194			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	10
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	15
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	20
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	30
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0106				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	45
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0185	50
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	70
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	75
Uterus_n	0.0125	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duenn darm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.1014
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1293
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0338
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0624

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130	0.2556	
Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	20
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.1587	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	25
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0426				
FOETUS					
	%Haefufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0249				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haefufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0244				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0090				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus n	0.0208				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0583

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526 0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830 1.0173	
Duenn darm	0.0215	0.0662	0.3244 3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731 1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144 1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507 2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597 6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169 1.6210	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122 0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983 5.0439	20
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479 1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709 0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707 5.8579	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741 2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074 1.1021	
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.4183			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0426			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0185			45
Placenta	0.0242			
Prostata	0.1247			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust 0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenn darm 0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe 0.0170	0.0577	0.2953	3.3861
10	Gastrointestinal 0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn 0.1294	0.0318	4.0643	0.2460
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden 0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0120	1.9989	0.5003
20	Niere 0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas 0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis 0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0588			
30	Weisse_Elutkoerperchen 0.0173			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.1376
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0107
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0399
60	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0442
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663	0.1225	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024	
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	20
Magen-Speiserohre	0.0870	0.0153	5.6724	0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	25
Penis	0.0419	0.0800	0.5241	1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	30
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	40
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	45
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0254	50
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	60
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0099	65
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	
Hoden	0.0000	65
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	65
Uterus_n	0.0333	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0285
	Lunge	0.0470
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	10
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0070				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0125				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointental	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samerblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_r	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				40
Herz-Blutgefaesse	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0205				60
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639	5	
Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612		
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	10	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef		
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096		
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800		
Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932		
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000		
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368		
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	20	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857		
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	25	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901		
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0128					
Prostata-Hyperplasie	0.0119				30	
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0118					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0213					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					40
Gastrointestenlinal	0.0111					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0039					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefuesse	0.0036					
Lunge	0.0036					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0124					
Placenta	0.0061					50
Prostata	0.0249					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					55
Brust	0.0000					60
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0051					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0023					
Gastrointestinal	0.0122					65
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0097					
Hoden	0.0077					
Lunge	0.0410					
Nerven	0.0010					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus n	0.0250					

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372	10
Endokrines Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0070	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brüst-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0253				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0116				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0456				
Haut-Muskel	0.0162				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0221				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
10	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0227
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0244				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	10
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	15
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Sanct. blase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointental	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				60
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef		
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				30	
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit				35	
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointental	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000				45	
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0000				50	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit				55	
Brust	0.0000				60	
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000				65	
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000				70	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus n	0.0000					

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372	
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645 0.1457	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600 2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161 0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000 undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0278			40
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			45
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			50
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			55
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0122			60
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0050			65
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus n	0.0042			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0858	0.0077	11.1866	0.0894
Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381	7.2434
Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543	6.4818
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
Haut	0.0734	0.1695	0.4332	2.3084
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
Lunge	0.0073	0.0164	0.4445	2.2496
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointenstinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefaessee	0.0462	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0128	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0227	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0171	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0087	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0458	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Servix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust 0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duenndarm 0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal 0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn 0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz 0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere 0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas 0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.1246			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	5
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0201				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
20	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0697
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5	
Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564		
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef		
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	10	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567		
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048		
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102		
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266		
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000		
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082		
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185		
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006		
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813		
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857		
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881	25	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851		
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0224					
Prostata-Hyperplasie	0.0208				30	
Samenblase	0.0445					
Sinnesorgane	0.0235					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
Zervix	0.0213					
FOETUS						35
	%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointestenstinal	0.0167					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0079					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000				45	
Herz-Blutgefaessee	0.0000					
Lunge	0.0108					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0061				50	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit				55	
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000				60	
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0245					
Foetal	0.0099					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000				65	
Haut-Muskel	0.0065					
Hoden	0.0154					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0020					
Prostata	0.0068					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0042					

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0709
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0116	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0208	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	10
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816	
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	20
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				30
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0036				
Lunge	0.0181				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0389			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0251			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
65	Uterus_n	0.0208			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638	0.7912	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	20
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	25
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestenstinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0408				55
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0154				65
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0319				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				50
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0122				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust 0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere 0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0204	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0320			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0319			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0213
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0507
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.2762

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0198
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0161
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	10
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5	
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674		
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722		
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000		
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520		
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706		
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000		
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000		
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428		
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	25	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0032					
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30	
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					40
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0039					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0254					
Niere	0.0124					
Placenta	0.0121					50
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					55
Brust	0.0340					60
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0012					
Gastrointestinal	0.0000					65
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0065					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0020					
Prostata	0.0205					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0667				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Flutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0121	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointental	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0541

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
	Blase	0.0819	0.0383	2.1356	0.4682	5
	Brust	0.0473	0.0320	1.4811	0.6752	
	Duennndarm	0.0460	0.0331	1.3903	0.7193	
	Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190	0.8204	
	Endokrines_Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576	1.3199	
	Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984	0.1725	10
	Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557	0.8653	
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000	
	Herz	0.0382	0.0825	0.4626	2.1618	15
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
	Lunge	0.0384	0.0184	2.0886	0.4788	
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255	
	Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416	0.4669	
	Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808	20
	Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986	2.0057	
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0610	0.0617	0.9883	1.0118	
	Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	25
	Brust-Hyperplasie	0.2206				
	Prostata-Hyperplasie	0.0773				
	Samenblase	0.0089				
	Sinnesorgane	0.0353				
	Waisse_Blutkoerperchen	0.0737				30
	Zervix	0.0319				
	FOETUS					
	%Haeufigkeit					35
	Entwicklung	0.0278				
	Gastrointestenstinal	0.0361				
	Gehirn	0.0125				
	Haematopoetisch	0.0157				
	Haut	0.0000				40
	Hepatisch	0.0260				
	Herz-Blutgefaessee	0.0818				
	Lunge	0.0325				
	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0432				45
	Placenta	0.0303				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0340				
	Eierstock_n	0.1595				
	Eierstock_t	0.0101				
	Endokrines_Gewebe	0.0490				55
	Foetal	0.0233				
	Gastrointestinal	0.0488				
	Haematopoetisch	0.0285				
	Haut-Muskel	0.0227				
	Hoden	0.0154				60
	Lunge	0.0164				
	Nerven	0.0261				
	Prostata	0.1163				
	Sinnesorgane	0.0929				
	Uterus_n	0.0416				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				50
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust 0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenndarm 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0233	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0391
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272 0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342 0.8817	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396 2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600 2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211 0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700 0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0210	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611 1.7821	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0142	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585	0.7361	10
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415	1.0622	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142	25
Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228	30
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191				
Servix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				50
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0076				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0077				65
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0120				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0749				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0213
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0210
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF) Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1964	
8	99.61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-1 (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97.54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.sativus mRNA for lipoxygenase	186	294	
40	97.54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein E1r-3 (eir-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog	270	560	
56	97.54	unbekannt	149	851	
57	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
58	98.22	unbekannt	218	268	
59	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
60	97.54	unbekannt	219	1389	
61	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
62	97.54	unbekannt	205	681	
63	99.06	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
64	97.54	unbekannt	226	226	
65	99.03	Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A. vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit / Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B.taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	
31	149	40
	150	
	151	
	152	45
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60

65

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	35	162
		163
	36	164
10		165
		166
	37	167
15	38	168
	39	169
		170
20		171
	40	172
		173
25		174
	41	175
		176
30		177
	42	178
		179
35		180
	43	181
	44	182
40		183
		184
	45	185
		186
45		187
	46	188
		189
50		190
	47	191
		192
55		193
	48	194
		195
60		196
	49	197

65

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	45
	223	
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

65

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
	70	245
25		246
		247
	71	248
30		249
		250
	72	251
35		252
		253
	73	254
40		255
		256
	74	257
45		258
		259
	75	260
50	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
60	79	267
	80	268
		269

65

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	
	273	10
82	274	
	275	
	276	15
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	35
87	289	
	290	
	291	40
88	292	
	293	
	294	
89	295	45
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

65

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5		306
	94	307
	95	308
10		309
		310
	96	311
15		312
	97	313
		314
20		315
	98	316
		317
25		318
	99	319
	100	320
30		321
	101	322
	102	323
35		324
		325
	103	326
40		327
		328
	104	329
		330
45		331
	105	332
		333
50	106	334
		335
		336
55	107	337
		338
		339
60	108	340
		341

65

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	
115	358	30
	359	
	360	
116	361	35
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	122	378
	123	379
		380
10		381
	124	382
		383
15		384
	125	385
		386
20		387
	126	388
	127	389
25		390

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128–390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cggtgaagta gatgcacaa agtgtatgct tgaatcttgg gatactgcag gaacggagca 60
atctacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcag tagttttattc 120
catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180
taaagacact gatgatgttc caatgattct tggttgtaat aagtgtgact tggagatga 240
aagagttgta ggggaaggaac aagggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
cttagaatct tctgcaaaa caaaaataaa tgtaaatgag atcttttatg acctagtgcg 360
gcaaattaac agaaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcag catgtcagct 420
gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggctc tgaagaactg ttgccaatt 480
caacagtgcc agcattccaa ctttgtaaaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
ggtggtaccc ttaagagggc ggatgaaagc tactatatca gtttgcacat tctaataact 600
ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagagttg cagctggtaa 660
aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcatccacc aatgttgtag 720
atgtatgaaa atggtgtact gtatacttta acatgcccc aactttgtat tggagagtag 780
aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagct 840
cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
ttttaagaaa ttcaagggtca ttattattgt acaaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960
tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggtg atcttgcctt taaaacatga 1020
tagtcccttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc tttaatatct gttgggaagg 1080
aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttgttt acatagggaa 1140
caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaca 1200
attltttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260
ccactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt 1320
ttagtatttt tgcctgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa 1380
atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt ggggaagtaat tttaatacata tgtaattggt 1440
cacaaggcct aatttgcagt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500
atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta 1560
aaatgaccaa cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaaact aaaagcctta 1620
attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgccal 1680
tgcaagggct tgcatataaa aaaaaaacia aaaaaaaaaa aa 1722

```

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggcctcgagg aggcgggtctc ttctgtgcacc cacttggggcg ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggtgcaca cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactaccc 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
ctcccggctt ccatcccac ccggggccca attacccatc ctccctgcc gatcagatgc 240
agccgcaagt ccgcccgtc cattaccaag agtcatgcc acccggttcc tgcagccag 300
aggagcccaa gccaaaagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgcaaacca cacaggtgag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgtc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgcccgttcc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcattctg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaaatgcc aaggggtgac tggaagtgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttgggggagg gaagaccaga attcccttga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tatttctctt accttctaaa 1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa 1080
atagccta at gatggtgtt gtgagcttg tcctaaagg cccaacaagg gagccaaagg 1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

gcgaacccgc gcgctgcccg gtcctgcgct gccagcggg aggggctgga ccccgcggtc 60
 ctccctccctg ccggtcccca tccttaaagc gagagtctgg acgccccgcc tgtgggagag 120
 agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg ggcaggccgt gccggctgag gaggtcctga 180
 ggctacagag ctgcccgcgc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240
 ggctgtgagg ggaggcccc gggcgccatt gctggcgggt ggagcgccgc ccggtctcag 300
 cccgcoctcg gctgctctcc tectccggct gggaggggcc gtagctcggg gccgtcgcca 360
 gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccggcg tcccgagct cagtccatcg 420
 ccttgccggg gcagcccggg cagagaccat gtttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
 cctcgatgtg ctctgcgtgt tgctggctgg attgccttt gcaattctta cttcaaggca 540
 taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtcc atcaagtacc cttacaaaga 600
 agacaccata ccttatgcgt tattaggtg aataatcatt ccaatcagta ttatcgttat 660
 tattcttggg gaaacctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
 gaataactac atagccacta ttacaaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
 tagtcagtc ctgactgaca ttgccaaagta ttcaataggc agactcggc ctcacttctt 840
 ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900
 catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
 ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
 gggagactgg gcaagactct tacgccccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080
 ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
 actcattcag ggagctcttg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal200
 agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaaac1260
 accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaaggcag cagggtgccc1320
 aggtgaagct ggccgtgttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcata1380
 tttcttcctg ggtgtacaag ccctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgga1440
 atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel 50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA 55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg cgggggcgtc caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttctgg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcatggctg ccatctctac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgctteta caacgagtcc attgccttct t 411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag tttcacattg acatttttat 120
taacgccaac tgttttttaa ttattttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga tttagattta aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgttgtg aagaggttca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaaggcc tggctgaaga tctttttatt 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcatctttaa aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagtttctc ttatttaatg tggctatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaatgg gggttggggg tggaactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga aggaaggaca aggaagaaaa ctaaaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatactcttc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttgga 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

```

DE 198 18 620 A 1

```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaacccattt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccctt tggtaggtta taacacaga acatctgtca1140
ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaaag tttcacagtt1200
tcgttatgct ctattttatt actatcatat ttacattttt attttttatt tattttttgc1260
tgaattgctg attttccctt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcatctcgct ttagccaggc agcattcagc agaatatatt cacaacactg1560
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaact tccatttacc ctaaaaataa ataaatataa1740
tgtcgaggc cccaatata atagtagtag gggga
1775

```

5

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

45

```

cgggtggggg gggagcagg ggggacagtg ccccggaac ccggtgggtc acacacagc 60
actgcgcctg tcagtagtgg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattccgc 120
tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccatttaga ttaggaaggt ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaa agggggattg 300
ggcggaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttgg gtgatctat 360
tggtgatct atgcctttca actagaaaat tctaattgatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgctt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaaggtca agcccagaaa gtgataagt caggaggaa aagtgaagt ccattatgta 540
atagtgacag caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtcttccgt 600
gtgatgtct ttgaatctga atcagccagt ctcatgccc ccaaagtttc ggttcctatg 660
agccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggaggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaaccaca gtgagcctga gagagcggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaacacata gttaaaaaa aaacaaatga aaaaaattt agaacagtcc 840
agcaaattgc tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acaccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctccgtatcc1020
gtccgaggct gcttccca ggcagctc tccccaggc tttgccaagg gaggcggatt1080
tccctggtag tgtagctgtg tggctttcct tctgaagag tccgtggtt ccctagaacc1140

```

60

55

65

```

5   taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
   ttcttttgaa cttgattgcc tatggatcaa agaztttcag aacggcctgc ctgtcccccc1260
   gcacttttta catatatttg ttctatttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt1320
   ccccatccag cgagagagtt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtacct1380
   gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
   caactttacc cttcttgtcc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaaatg catattaatt1500
   tcttcccca aagccggatt ctttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
   cctctgggcc aatgcttata cccagtgagg atgctgcagt gaggtgtaa agtggccccc1620
10  tgcggcccta gcctgaccgc gaggaagga tggtagattc tgtaactct tgaagactcc1680
   agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
   ctctcacagt tagtgatcct gtccctttta cacctttttt gtggggttct ctctgacctt1800
   tcatcgtaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttgatg attaaaaaat1860
   gtgtatatat attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15  agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagtcttgg ttgattcact caagagttca1980
   gtgctcatag gtatctgtc attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
   cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacgg2100
   agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
   cttcagaaa agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20  tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagttac tttattgaag gttttagacc2280
   catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaaggag gctctctgta2340
   ggcacagagc tgcactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
   atgtgcagac tgattggcct ggtcattggt ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
   ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25  agtccctggga ggtcccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
   tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
   aacacttggc tcttggtacc tgtgggttag catcaagttc tcccagggt agaattcaat2700
   cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tcccatthcc caaacctaaa2760
   atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tggttgctgt gtcataactt catagatgca2820
30  ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
   tggccgttct gacctgttgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
   tagtttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttcaaaa gctttgaata3000
   ctgtgaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgtt ttttaactgc attttaccag3060
   atgttttgat gttatcgctt atgttaatat taattcccgt acgtgttcat tttattttca3120
35  tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
   a

```

3181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1964 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

```

gcaacatgtc tgcaccaaac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60
cagtgaaggg gcacatttcc atccgctcca agtctgcgcc actgccctct gcggctgctc 120
accagcagca gctgtatggc cgtagcccat cggcagttgc catgcaggct ggccctcgcg 180
cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg gggttaatct gatgcctact cccgcctata 240
atgtcaattc catgaatatg aacaccttga atgccatgaa cagctatcga atgacacagc 300
ccatgatgaa cagcagttac catagtaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtatc 360
ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccta taccagcag cctatgcagc 420
ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gccctccca tcacagctac atgaacgctg 480
ctggcgtgcc caagcagtca ctcaacggac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540
gcaatcaaaa acttaaatat atataataaa aggaaccttt tatactgaca aaccagagaa 600
aaatggacct tttccagtt aaaatattgc tgtagattta gaggaatttt tctttggttt 660
attttatttt tttagaaaacc tgatcttctc ttttttggg ttcatthttgt tctgggtttt 720
ggttttcttc acaatcttga acattttaca gtgaaactca tctaaaaatg gatttgggga 780
tggggaaaca tgcacaaaat cttttcataa ttaaaaagag ccttactttc tttacatacc 840
acatggacag aatttgtgta aaagtgaatt atctttatth taaaatgtat gtttcccctc 900
actgtttgca gctcccaatg ttgtcattht taaatgttat atacatctca agggttaacc 960
agaccctttc tcccaaacc aacctttcat ttctactttc attccagcag gaggcacttal1020
ggggagactc ggatggggac atggagaaca acccaagctc cttaaactat taaagtgggl080
caggaaaatg cttctccttt taaaatcccc tccactcctc acacacacac acctcttgaal140
acccttcccc aagaatgttt ctttatagac ggacttcatt gaaatctttg ttgttcttgal200
atcaagtgtg atataattht tttcttcttt tttaaaatat tccactcag cactcagagal260
cacaaaaata ctgtaagtct caattaacag cagaatctca gagaaaagct gtttgcaatc1320
caaatccagc ctttggagga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac1380
ctcttgtttt tttaaccact ggtgaatcag ccataacgca cacacacgcc acccagcctc1440
ttgtttctag tatgtacttt gaaatgctaa ctgagggtct tgatgcttga gcctttgact1500
gataaaactc aaatagcagt ccccgatgat ttgcctctta ggttctttct taaattgttg1560
gtggatgact gtacatttta gtgatttgaa aaataactga caaaccattg aaacagtttal620
ttttatgttg gaagagatgg cgcagatgtg tgtcagaagg gagatcacgg tgtgagtttc1680
gtagctattht aagtgatata tacctctagt ttttgtatgt cttttgagat cctgagttcal740
tcccctgtga atcagagtgc acaagcacct ctctgtgag tggctaata gaagagggac1800
agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacagcag aatgttataa cgcaagttcal860
tgtgttgctc ccaactccat tctcttttct ctctgtcaac cagtttgccc attctcttcc1920
tattacttgc tccagggata ggtaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

```

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tgtggccctg 60
gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgcctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctctggact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgttt ggcttcctgg ctaatcttga 180
10 ctcttggaat cagtgggagc agtaacacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
ggaactcgag accagttggc gatgaccctt gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
acttcaggcc ttggcattga gtcctctctc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaagt gtattttctg 480
15 aaattttcat gtctttaaat accccttggg aagttgtctt tgaagccagt gggggctcct 540
cagatagaga ggttcccctt tcaaatccca gtgcccgtct gttctctttc cttcccctcc 600
cactccccct cttcttctct tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660
ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
20 tggctctggg ctgtgctcag tgtctttggc ctccagagaac aacttgaatg acttctggg 780
ttcctggcat aaattattcc tggtagagac tgtggcttaa ctcacagggt tcccatcagc 840
tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttgggt 960
ggatttggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggctgcaga 1020
25 agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggtcag 1080
cccaactgca tgcaaaagac caccatcctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca 1140
aggaaagggg aaaccacat gtgaccctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaa 1200
aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg 1260
atgatttgta aagccagggt gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg 1320
30 tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca 1380
gtttcataag cttcttccct tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac 1440
tgttcacctg gtggaacagt tcttgtctct ccttctaggc ttcacccag aaatccagcc 1500
tctttctgga gaccccaaag ctggagggag atgggctttc ctctgggcct ctcttcttac 1560
tttgccatcc aactgctcc tggctaacc cagcaagaac caacaaatgg gtagggaagc 1620
35 cccatctaata tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggt tgggaacaaa 1680
aggttttgga ggggagatgt gg 1702

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

gccgcagcgt cccgggtgttc ccatttcgag agggagctcct ggctgctatt gcaaatcacc 60
aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt caggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
tctttgagga gggttatata aacaagggt tgaagattgc ctgcacccaa ccccgagag 180
tggctgccat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat ggggtgtgaag ctggggaatg 240
aggttggcta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
tgacagatgg gatgcttctc cgggagttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
tgggtgatgg ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
tcaaggatgt tgcctgcttc cgacctgagc tcaaggctct ggtggcttca gccacaatgg 480
acactgcccg tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt gtttcgaatc cccggacgca 540
ggtttctctg ggacatcttc tacaccaagg ctccagagcg tgactacttg gaagcttgtg 600
tagtatctgt gttgcagatc catgtgacct agccccctgg ggatatcctg gtgttcctga 660
caggacagga ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgcgcctgg 720
gtccaaaat ccgggagctc ctggtgctgc ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780
aggcccgat ctccagccc acaccacctg gggcacgaaa ggtggttgtg gcaacgaaca 840
ttgcagagac atcactcacc attgagggca tcatatatgt gctggatcca gggttctgta 900
agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaatcgct cactgtcaca ccctgcagca 960
agccctcagc caatcagcga gctggcaggc caggtcgggt ggctgcaggg aagtgttcc1020
gcctgtatag cgcctgggcc tatcagcacg agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
agaggaccag cttgggcaat gtcgtgttgc tgcctcaagag cttagggtac catgacctaa1140
tgcactttga tttcctggac cctccacat atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
tgcctgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cagctctggt cgaaagatgg1260
cagagctgcc ggtggacccc atgctgtcca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct1320
gttcagagga gatcctgaca gtggtgcca tgcctctgt caacaactcc atcttctacc1380
gaccaaagga caaggctgic catgctgaca atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg1440
gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc1500
agtggtgcta tgagaacttt gtacagtcca gatcgatgcg ccgagcccg gatgtgcggg1560
aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagtgtgtct cagttctgct cagggggact1620
atatccgtg acgcagggc atcactgctg gttactttta ccacacggca cgttgactc1680
ggagtggcta ccgcacagt aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc1740
tctttgagca acagccacgc tggctgctct accacgaact tgtcttgacc accaaagagt1800
tcctgagaca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattatt1860
ataagcccaa qagactagaa gatccccatg ctaagaaaat gcccaaaaa ataggcaaaa1920
cacgaqaaqa gctagggtaa gagaaggacg taaacagaac ctgacaccag ctctttttcc1980
ttctatatar rarrtaatac ctattaaata aaattatttt tggaataaa cttgtgggaa2040
catttcggtt ctacaaaaaa aaaaaaa 2067

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtgga acccatactt gctggtctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggg cttggaattc ggtgcggatg gccagctccg ggatgaccgg ccgggacccg 120
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtct cgccatcgcc 180
cggcgtttgg ccaggacgg ggcccatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtgggtgat cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tcctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccaa ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaa 720
gaggaagca tgaaagaaac cctgcggata agaaggtag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcgtgt ctttctctgt ctctgaagat gccagctaca tctactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccccgtc ccgctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tcctgggtgt gttcctgcat tcacccactg gcctttccca cctctgctca 960
ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccagc cttccctgcc 1020
gtcaaggtgg cgtcttactc gggattcctg ctgttgttgt ggccttgggt aaaggcctcc 1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagctt accttggcaa agaccaagat 1140
attttttcct gggccactgg ggaatctgag gggatgatgg agagaaggaa cctggagtgg 1200
aaggagcaga gttgcaaat aacaacttgc aaatgaggtg caaataaaat gcagatgatt 1260
gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggccgccc ccgaaccccg cgcgccactc gctcgtcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc ttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```


DE 198 18 620 A 1

```

gtggtggcga ctggcgccga cccaagcgat ctggagagcg gcggtgctgt gcatgagatt 180
ttcacgtcgc cgtcaacct gctgctgctt ggcctctgca tcttctgct ctacaagatc 240
gtgcgcgggg accagccggc ggccagcggc gacaggacga cgacgagccg cccctctgct 300
cccgccctcaa gggcgcgac ttacccccg ccgagctgcg gcgcttcgac ggcgtccagg 360
accgcgcat actcatggc atcaacggca aggtgttcga tgtgaccaa ggccgcaaat 420
tctacggggc cgagggggcc tatgggtct ttgctggaag agatgcatcc aggggccttg 480
ccacattttg cctggaag gaagcactga aggatgagta cgatgacctt tctgacctca 540
ctgctgcccc gacaggagact ctgagtgaact gggagtctca gttcactttc aagtatcatc 600
acgtgggcaa actgctgaag gagggggagg agccactgt gtactcagat gaggaagaac 660
caaaagatga gagtggccg aaaaatgatt aaagcattca gtggaagtat atctattttt 720
gtattttgca aatcatttg taacagtcca ctctgtctt aaaacatagt gattacaata 780
tttagaaagt tttagcact tgctataagt tttttaatta acatcactag tgacactaat 840
aaaattaact tcttagaat catgatgtgt ttgtgtgtca caaatccaga aagtgaactg 900
cagtgtgtga atacacatgt taatactgtt tttcttctat ctgtagttag tacaggatga 960
atttaaatgt gtttttcctg agagacaagg aagacttggg tatttccaa aacaggtaaa1020
aatcttaaat gtgcaccaag agcaaaggat caacttttag tcatgatgtt ctgtaaagac1080
aacaatccc ttttttttcc tcaattgact taactgcatg atttctgttt tatctacctc1140
taaagcaaat ctgcagtgtt ccaaagactt ttggtatgga taagcactag gccgctgtcc1200
cggtaaccaa aatggaaatc ttccaaaaca ggaggctcag gctggccaaa aagg 1254

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

gccgcagccc tcatctgcca ccgcagctctg gttggagctg ttgtcttgta tgctcagcga 60
ggcccgaggaga gaccggggag agagctaggc cgagtcacc gcccgagtct gctgcccag 120
ccgcggttac gcacaaagcc gccgatcccc ggcctggggt gagcagagcg accaccgccc 180
gggagcagcg cggcgagacg cacggtgctg cctatgcccc cgcgccccca ccgccccgc 240
cgcggcagcc gaagcgagc gagagaacgc gccaccgagg ggcgggggtg cagctagcga 300
ccctctcgcc acctgcgcgc agcccgaggt gagcagtga cgcgagcgag gagggcagcg 360
aggcggttcgc gggccccctc ctgctgcccc ggcggggccc tcatggcggc catccgcaag 420
aagctggttg ttggtggcga cggcgctgt ggcaagacgt gcctgctgat cgtgttcagt 480
aaggacgagt tccccagggt gtacgtgccc accgtcttc agaactatgt ggccgacatt 540
gaggtggacg gcaagcaggt ggaggtggcg ctgtgggaca cggcgggcca ggaggactac 600
gaccgctgc ggccgctctc ctaccggac accgagctca ttctcatgtg cttctcggtg 660
gacagcccg actcgtgga gaacatcccc gagaagtggg tccccagggt gaagcacttc 720
tgtcccaatg tgcccatcat cctggtggcc aacaaaaaag acctgcgcag gacgagcatg 780

```

```

tccgcacaga gctggccccc atgaagcagg aaccgcgtgc caccgatgac ggccgcgcaca 840
tggccgctgcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtct tgccaagacc aaggaaggcg 900
tgccgcgaggt cttcgagacg gccacgcgcg ccgcgctgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggctgcat caactgctgc aagggtgctat gagggccgcg ccgctcgcgc ctgcccctgc1020
cggcacggct cccctcctg gaccagtccc ccgcgagccc ggagaagggg agaccctgt1080
cccacaagga cccaccgcg ctgcctggca tctgtctgct gacgcctctg gcttgcgccal140
ggacttggcg tgggcaccgg gcgcccccat cccagtgtct gtgtgcgtcc agctgtgtt1200
cacaggcctg ggctccccac tgagtgccaa gggccccctg agcatgcttt tctgaagagc1260
10 cgggcctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttgcactccc ctgcccctat ttccacccca1320
ccccgcctc tgatccccgg gggcgagatt ggccggggag tgtggccgcg ccccatcaga1380
tgttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggttac1440
tgccgggaggg gagggctgct ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt1500
ttattttcgg agctaagatg gtgttattta aggggtgtga tgggtgagcg ctctggccca1560
15 ggctgggcca gactcccgcc caagcatgaa caggacttga ccactcttcc aaccctggg1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcccggc1680
agccgcgtgc gaaccctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtgggggt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaagaa1800
actgatgtta tttgatattt ttaaaggcta aaatttgttt ttttattctt tgcacaattg1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgcaactcgtc atttgcatac gacagtagca ttctgaccac1920
acttgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttta aaaatgactt ttaacaagga1980
gagggaaaag aaaccacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caaactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcatgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
ggggcctatt tttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa atttctctg2160
25 cacctctgta cagagaatac acctgcccct gtatatcctt ttttccctc cctccctcc2220
cagtggtaact tctactaaat tgttgtcttg ttttttattt tttaaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagtctat aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtggttta2400
atagtgtgta aaaaataacct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
30 cctttcttcc caactccqtt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtccctt2520
tgagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 40 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 45 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 55
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatgggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
65 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaagcca gcttacaaag atttgaccaa 180

```

DE 198 18 620 A 1

taaaaccct	cgagcccaca	gccttatcag	ctggggctga	gggaagactg	gtctaggtgc	240
tgctcctgaa	cttgggtctct	gagccatggc	ttcccataga	cactcaggtc	cctccagcta	300
caaggtgggc	accatggcgg	agaagtttga	ctgccactac	tgcagggtac	ccttgcaggg	360
gaagaagtat	gtgcaaaaag	atggccacca	ctgctgcctg	aaatgctttg	acaagttctg	420
tgccaacacc	tgtgtggaat	gccgcaagcc	catcggtgcg	gactccaagg	aggtgcacta	480
taagaaccgc	ttctggcatg	acacctgctt	ccgctgtgcc	aagtgccttc	accccttggc	540
caatgagacc	tttgtggcca	aggacaacaa	gatcctgtgc	aacaagtgca	ccactcggga	600
ggactcccc	aagtgcåagg	ggtgcttcaa	ggccattgtg	gcaggagatc	aaaacgtgga	660
gtacaagggg	accgtctggc	acaaagaactg	cttcacctgt	agtaactgca	agcaagtcac	720
cgggactgga	agcttcttcc	ctaaagggga	ggacttctac	tgcgtgactt	gccatgagac	780
caagtttgcc	aagcattgctg	tgaagtgcaa	caaggccatc	acatctggag	gaatcactta	840
ccaggatcag	ccctggcatg	ccgattgctt	tgtgtgtgtt	acctgctcta	agaagctggc	900
tgggcagcgt	ttcaccgctg	tggaggacca	gtattactgc	gtggattgct	acaagaactt	960
tgtggccaag	aagtgtgctg	gatgcaagaa	ccccatcact	gggtttggta	aaggctccag	1020
tgtggtggcc	tatgaaggac	aatcctggca	cgactactgc	ttccactgca	aaaaatgctc	1080
ctggaatctg	gccacaagc	gctttgtttt	ccaccaggag	caagtgtatt	gtcccgaactg	1140
tgccaaaaag	ctgtaaaactg	acaggggctc	ctgtcctgta	aaatggcatt	tgaatctcgt	1200
tctttgtgtc	cttactttct	gccctatacc	atcaataggg	gaagagtgg	ccttcccttc	1260
tttaaagttc	tccttcctgc	ttttctccca	ttttacagta	ttactcaaat	aagggcacac	1320
agtgatcata	ttagcattta	gcaaaaagca	accctgcagc	aaagtgaatt	tctgtccggc	1380
tgcaatttaa	aaatgaaaac	ttaggtagat	tgactcttct	gcatgtttct	catagagcag	1440
aaaagtgcta	atcatttagc	cacttagtga	tgtaaagca	aagcatagga	gataaaaccc	1500
ccactgagat	gcctctcatg	cctcagctgg	gaccaccgt	gtagacacac	gacatgcaag	1560
agttgcagcg	gctgctccaa	ctcactgctt	caccccgttt	ctgtggagcc	gggagaagg	1620
accctactgg	accatggcat	ggggttaact	ttctcatca	ggactctggc	cct	1673

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1593 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga	cgccgcccgg	cgcgagtggt	ctgccctgcg	cggggacact	cagagcccgg	60
tgggcgggag	gaaggcggca	tgccccagac	ggtgatcctc	ccgggcccctg	cgccctgggg	120
cttcaggctc	tcagggggca	tagacttcaa	ccagcctttg	gtcatcacca	ggattacacc	180
aggaagcaag	gcggcactgc	caacctgtgt	cctggagatg	tcactctggc	tattgacggc	240
tttgggacag	agtcctgac	tcattgctgat	gcgcaggaca	ggattaaagc	agcagctcac	300
cagctgtgtc	tcaaaattga	cagggggagaa	actcacttat	gggtctccaca	agtatctgaa	360
gatgggaaag	cccctccttt	caaaatcaac	ttagaatcag	aaccacagga	attcaaacc	420

DE 198 18 620 A 1

```

attggtaccg cgcacaacag aagggcccag ccttttgttg cagctccaaa cattgaigac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttcctataac tcgccaactg ggctctatcc aactagcaat 540
atacaagatg cggttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctagctcacc tcaaacgag 600
cccacagcct cgggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
gagcccacac agcctcgcca gtcgggctcc ttcagagtgc tccagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaacgcgg agtgtgagag ctccgggtgac gaaagtccat 780
ggcggttcag gcgggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
tgcaacctca acctcaagca aaagggtac ttcctcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
acccacgcaa gagcccgcac aaagccccc gagggctatg aacgggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt ggcagaaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaal140
gtcaaggctt tagaccttta tcctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200
ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaal260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcactac cacaatttac atgtatattal320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgacal380
agttgatttt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
tttagttttg tattcaaaaa attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1593

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 572 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaagggggt gtgtgcgcga 60
gcagagcgct ataaatacgg cgctcccgag tgcccacaa cgggcgtcgc caggaggagc120
gcgcggggcac aggggtgccg tgaccgaggg gtgcaaagac tccagaattg gaggcattgat180
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcaggga gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgcccta aatgagacca ggggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtgggtgggc tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
gaagttgtcg aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2520 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtattht acaatttcca tagagtgggt ccccatcag 120
agagggtggtt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggaac cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttggg gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggaata cagacagcaa agaatttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaat tctagtcact gccaaaggag aaatatattht aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gtctgtggta agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttataa gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaaata tgtacaatag ctcatthtca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgca tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa agggtttgcc aagtactcag 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttcctctc acaaaactcat1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggctc atccccccaa ataccagggc ggaaggctac1140
agtggattct gcctcacctc tgcctaaaac tggaaactcag cattcccctgg agggggagg1200
tgtagggtht ctggthtccc gacacgatcc tggcctataca agaactcctgt ttcaaaggta1260
gtctthttag atacgctgca ggaccactaa gagtccaccc agcttctaaa gacttgagg1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaaccc tatctcacca1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcac tcttttcaga ttcaggtaat taaaaagcc1560
aacccttagc tcatagtgct aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag1620
cagaagcaca tgggcgatgt ctcccctcca ctgctctgac ccacccctct ggcagaaaat1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc1740
tataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaaagag cttctcactg ccttgctagc1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccaaccacgc aaacactcaa aacccaatc1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcac1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgctthttaa agggggtht acagggacca1980

```

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagttttgc ttacaggttt ataattagac2040
acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
tggggggaaa aaagcaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaaggtgac tggtagtgtc ttttaggcat2220
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
cagacacact aaatcatgtc tcttgcagat ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
ctccccccag tgaaaatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtcctgc2520

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaagg tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacaccac agagcctcgg ggaaccacag gagtgcctgg 300
gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgcctgga tcgggagtgg cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaatggac atgatttcct acaattatga ttactatata cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagt gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagtttctg ctgctctctt tctttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttcctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaata aaaatccaca attaaacat gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgt ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgaggagacat cttccactc ccctgctcca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt 1200
aaatggggaa atggaagggg ttggaggcag agctgaaac aggggttgaa ggatttcctg 1260
aattagaaga caaacgttag catacccagt aaggaaaatg agtgaggagg ccagggaac 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaa cagagaatgg tcagagaatg 1380

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgggtgtg cggggccacc tgccagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgctga gccctctcat agccatcgca 180
ctgaaaatat ccagattca tgagagaact ggccggaggg gacccactgt catcacctga 240
atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtc agcgggagat gcttactga 300
tgccctcttg ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaacaaaag atattttgtc 360
tttgggggat agagggtggg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
tattcctcca aatgcagcag gccctttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtg 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaac atttgtgcat cacttgtgcc aagtgaagaa atgttctaaa atcacagag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgaccctaa gtcccagggtg cccctgggca ggcagaagga 660
gacactccca gcatggagga gggtttatct ttctatccta ggtcaggtct acaatggggg 720
aagggtttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccac ccgatggccc 780
tgccctcccc atcccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaatggtg cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctt 900
atatttgtaa tagtattatt ttagctatta agctggatac cttctttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt 1020
tggaggggat ccttccttga ttacatcaag tatgttggtg catgggttta tacaagtctc 1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc 1140
tatcttaatg cacttggttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag 1200
aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattggtg 1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtgggac ccctgccggc aagcagagtg 1320
tcacagctgg ctttcctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctccctctgt 1380
ctcagccagg acaccagcgg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg 1440
gcacagtcac tcaccctgcc atttgcgga atgacctggt gcactttgac tgtaagcaa 1500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg 1560

```

DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gccataaaaa1620
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

tgcgcgcgcg gctgggtccc accagggaga agcagaattt gcccgcatca tgagcattgt 60
ggaccccaac cgcttggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgcga 120
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctgggga 180
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccaccgcacc aggctgagta 240
ctgcatcgcg cggatggccc cctacaccgg ccccgactcc gtgccagggtg ctctggacta 300
catgtccttc tccacggcgc tgtacggcga gagtgcctc taatccaccg cgcccgcccg 360
ccctcgtctt gtgcgcgctg ccctgccttg caacctccgc gtgcgccatc tctgccttgg 420
gttcggtttc agctcccagc ctccaccgg gtgagctggg gccacgtgg catcgatcct 480
ccctgcccgc gaagtgcacg tttaaaaaat tattttctgc aaaaaagaaa aaaaagtta 540
gttaaaaaac aaaaaactac atattttatt atagaaaaag tattttttct ccaccagaca 600
aatggaaaaa aagaggaaaag attaactatt tgcaccgaaa tgtcttgttt tgttgcgaca 660
taggaaaaata accaagcaca aagttatatt ccattccttt tactgatttt tttttcttct 720
atctgttcca tctgtgtat tcatttctcc aatctcatgt ccattttggg gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactcttgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agctcacttg 840
tccatgaaaa tattttatga tattaagaa aatcttttga aatggctgtt ttttaaggaa 900
gagaatttat gtggcttctc atttttaaat ccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
agcacacact taaaaaattt ttaatatatt ctattaaaaa taggacaaac ttggagagta1020
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaa1080
aaaaaaaaa aaaaaaactc gg
1102

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```
gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gacccgcgtg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgcct caagtgtgga cgtatctggc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggtcg tggaaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tgcctctctc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagtctg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcacggaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatattt 720
cctttgtcgc cctcctttt tctgattgat ggttgtatta ttttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagagggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccctt ttccgtgcca 960
ctgggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggaaagtgtc tatgaacttcl080
cataaataac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgtctgacct cagtagctat1140
taaataacat caagtaacat ctgtaacagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct1260
aaacaggaac aacttcacat cagtgttgat gttggacaca tagatgggtg tggcaaagg1320
ttagaacaca ttatttttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga1380
gttagcataa tttggagcta ttcagggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag1440
atgttatttt tgfatactat atcacttaga caactgtgtt tcatgtgctg taatcagttt1500
ttaaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaaact1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggagggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga ggggaagct ggaggacagg 60
aggatgggag tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgagcagt ctgaatgcca gaatggataa ccgttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgtcttagc ctcatttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtcaggttc aagaaaattc cagtgatttg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac catacccaaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaataatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccgg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcggtgcc agttcctttt accttttggt agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggctttg atcggaactt gtgcttgcat ttgccgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggtctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gtcctctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggtccttc tgcctggctt gtgtctctgc tcccttacag ttcattggctt ctgctctctt 840
catctgggct gtcacacca accggaaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttaacaattg ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaat accccctaaa 1080
atttaagggg gggtacctta aagcgatg                                     1108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agggaaagag agagagagggc ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttcctcc 60
cgggatgggc ctgttttggg gtttgggact ctgaaccgga gcgggggttc ttcgcttgac120
tttgatcctg gtccttaaat gcctttcccc actccctcc cgtgggttca ggggccaaagc180
ggccctcct cagagcacgg gcagcaccgt ctctggacc cctgtgtgcc agcctctgca240
gacgcagctg gtgggaggga gcatggattt ggaggtggag aagtcactcc tggtcctcgg300
aggggggtgg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcgggga ttggtgagg cggacaggtt360
tctgaggcct ccctagcctt ctttgtaaat tcacacgaga tagtccagg ctttccagcg420
cccagcttgg atgataatcc tctgttcccc cactctaagg cctccttgag atttctttgg480
ggtctaccac gtctctgcc tgtctccagg tggtagagga gatgtggtc ctgtccctct540
cctgggtccc tagggggccc cagggccct ccctgtagct ttagctgacc ccattggtgt600
gggtgtgggg tctgtgcgcg tgctcaggta agcttggggg .ctccaggtaa gcggtcccga660
agaacggggg gggag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 350 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

agcagagcaa ggttgggttc gtcctcttg cagaacctcg gctctcagga ggtccttgtt 60
ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gcccctcggc120
actaaccag ctggaacca ggggaacaaa cggcctggag tgccaaaccc ttcgtgtcta180
ttttttccag aaaaacgggg gcaatggctg ttgaggagcc catttgggaa gaactggtgc240
ctctaattgg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300
acaaggggtt ccacccaaac ccaggcccc gcttcaaagt gccagaaaa 350

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc tccggctttt ttttttttat ttaagaaaat ttattttctac ttctacagca 60
gaaatacggg aatgggtacag gtttgggcaa atcatacttt atgaaatgga tcctcatacc120
acatcccttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gattttcaaa atccagccaa180
cacggatacc tctgctactc tgttttggcc ttcataagctg cttcctcttt cagacgagct240
ttctttttcta agttcaagct tgttaaagtc tctgtctttt gggcagcctt cttgccctca300
ataacatga agatgcaccc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcaact360
cgcatcttgt tctttgcagc atcaagcatc tccaacgaga cagtctctgg gatttcact420
tcctttttga agcgacctga ccatatgagg atctttttct gccaatccgt aggtttgtgt480
aaaggcactc tgttgtaagt gcgggatgga gctccgggac tttcctgtgg ttttgtgcaa540
aatccattta ttctcttcaa atcagagctt ctggttaaggc ttagagatga ggaaacatct600
ctttcacata acctaaaaca gcttcctgct gccaggcgca gaccgctgag gctccccatg660
gccacttgct actccgccga ccagcgcgaga acttcgccgg ggacggtggc gctggtgagc720
tcaatgtcac ccagcgttgg agtggg                                     746
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacacctca 60
 gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
 ccaaggaaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
 gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt 217

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 392 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggttttt 60
 cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
 aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
 tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
 gaagaagtaa ccccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
 aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaa cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
 ttgcagggga ggcaggaaaa ggttgttttt tt 392

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1796 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggctcgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tcttttaaga 60
    agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgtc 180
    ttacttccta ccccttccct gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  ccgggaaaag aacccaaaaga aaacctgagt ggacagggtc atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaagg ctagattttt agaataattc caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420
    ctaagtttza gacttttgtc atgtggtgag tcaataaaga ccattttgat tgtaaaccat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggcctaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggatccctcg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt tacottggte ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtcccttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatatattg gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgtaca aagggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atattgtatg cagtgtgaag aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gctctttagg agltggaqca gggggatggg taattacaga ttgcagact atagaaagag 1020
    ttccattttt ttgtgacccc acagagtctc aaatttttat ttcactacct gctagagcct 1080
    actgtgaant cactgtccca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag 1140
35  cttcatatgt taacscgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc 1200
    tgggtatttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag 1260
    aaacacaaaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat 1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttctcctc gataggtttt agtgtaagct agtattctgt 1380
    gtgttcgtag aaatgattca atacctgcag ctgggtgaatt aggaattgta tttgttgctt 1440
40  tttttataat agatgaggtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaal 1500
    agttagatcc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gtttaatttg 1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttgttt gaagtgttta tcagcataat 1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acaccctttt tgggtccctt tgggacagag 1680
    aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttatttg ttaacttaat 1740
45  gtagtgaast aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tgcagc 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtacc cagaaatact cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcaactgc agaaagtgc240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaactgca420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaatgag480
caccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg                    575

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

```

gaagaaaaag aggaggaaaa aggtaggag aaataaagg aggagagaag cacagtgaag 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccgaaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaaag 180
ggagataaga aggatccttg aactttaaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taaggagcgt cctgtgtcag cacaaggac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgca caaatggaga tacaaagact tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcggtca 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgggtact ctgaaagctg gagctgcagc 480

```

```

acaccccttt tgtattgctc accctcggta aagagagaga gggctgggaq gaaaagtagt 540
tcattctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgalttc tcttgcattc ctctgcatlc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
5 atgctgttgg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc accccatgc cactattaga 720
ggcagccacg gaggacggaa agtgccctttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggg acactgggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaq accagcagcc 960
10 aggggctctc cgcgtgagat gatcagagat gaggggctct cagctcggtc aagaatgttg1020
cgtttccctt cggggtocag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgtctctc1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggtg agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttccctgaa gctggagaag1320
ggcaagtttg gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat1380
cccgtttaggc tggaaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gccccatccg taggatcgag1440
aagatcagggc agaagggtct tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccaggtg1500
gtggcggagg ggaatgacgg tggaggggga gcagggaagg caagcctggg cagcgagaag1560
20 aagaaagagg acccaaggag agcaacaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggct1620
ctgagaaaaa tggccgccac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc1680
accacccttc ctctcgccc agccacaaca gtgactcggg ccacgtcccg ggcggtaaca1740
gttgctgcaa gacctatgac caccactgcc tttccacca cgcagaggcc ctggaccccc1800
tcaccctccc acaggccccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
25 tcagagaatc tttaccctcc atcccggag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca gcaaggccac cagcttgagg agcttcacaa atgccccctc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggcggtttcc gggacaaccg catggacagg2040
cgggaacatg gccaccgaga ccaaatgtg gtgccaggtc ctcccaagcc agcaaaggag2100
aaacctccca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
30 gacctcagcc ggctactgct ctctcagctg gaggaagagc tgcagggtgg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaaaa gcaaatgaag2340
aagttctgaga aaaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tcccaagaag2460
35 tcagtggccg acctgctggg gtcttttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaatcg accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaaag agtacggaat gacctacaat2760
40 gacttcttca tgggtgctaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtagca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgata gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
gagaaccaga agaggggggt tttttttgaa gggggaaaaa cgcccccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttggtgggt gtgtggggtt ttttgaggtg ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggttcg180
agacctccaa catacttgct tgaagctcgt gccgctggcc atggcccctc tgccaagcct240
gtgtgcatg cccttggtgc tttagtcaa gaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcagggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatttt360
acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cacttttaaa420
tttgactttt attttttttc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
agagctgggt agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagga600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttattttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg
743

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatggggtt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccctc tctgtgccag aactgtttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggttttttaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattagggt aatattttcc tcattttctt actgctgcca 600

```

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

```

ttttcctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aagaacctaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc ttaaaattgt tctcctcgta 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttgggtcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagtg gtttgaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata tttattagcc atatgcagaa tttctaataa tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtgt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta 1020
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa ggtaaaaaga aacagtgaga aatgtaaaca 1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt gggaataatt atcagagaca tgcaactgaal 1140
aatgtctcac ctttcatctt tttttcttaa ttcataaagt tatctttaga aatttgatga 1200
gaccctccta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacc gaatggtgtt tgagagtgtt 1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggt ggcatttgct gccagtgcc 1320
aggaatagta acattatgaa tgccagggac agtgtgtctc gtaaagtctt ccatacaaaa 1380
ggggcagggc acgggtgtc acgcctgtaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtggcg 1440
gatcacctga tgtcagggtg tcgagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgcta 1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaacccca gctactaggg 1560
aggctgaggc aggagaatca cttgaaccgc ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg 1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgctgct tttaatctac 120
gggggctgag aatttgtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag 180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcatggact tcatgacagc 240
tcttttgggt
249

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatggtt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatttttttt ctttaagac atgcactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgttttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattctttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gattttttat gcatacacia 600
gaatgccact ttttctttta tttcatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgcacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tctactggga gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tattttaata aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcg 840
agtatataga acaatatctc atataaataa gttagcctt tataaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaaacatt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggtcagcggt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgtaaatgct 1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat 1080
taattttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaata gcactaaacg ttttctttct 1140
gcaacctgta cttacagatt ctctctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa 1200
aaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg 60
tgctgtatatt ttaagaaatg gagtttatatt aaataatagt taagcttgtg cccatgttgg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga                                215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gcctgggggt cggcgctcgg ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcattg cgggcgggtga acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaacttg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccaccta cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcatgct ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgct cccggaagag660
actgtggtta aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcattgtcc720
tctgtaaaact gcaa                                734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36 30

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tggctcctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttggg atcgccctcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare 45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

g c g g g c g a g g   g c g g a g c a a c   a g a g c g g c c g   g g a g t a a g g c   g g a g t g a g a g   g a g g a g c t t g   60
a t g g a a g c g t   g c g a g a a g g g   g c g t a a c t g a   t t t g g a a a c c   a g a g g a a a g g   c g c t g t t t t c   120
a c c g a a t t a g   a a t c g c g g g a   a a a t a g a g a a   g a g t t t g t t t   g a a g g t c t c g   c g a g a t c g a g   180
t g a g t a c g g c   t c g c c a a g t t   g g a g c g c t c t   c g c g a t a g a c   a c a g c a a c t a   t t c a g c t g c g   240
a g g g g a c g g g   a g a g g t g g t g   a g c a c t c t c g   c g a g a t t t g a   a g g a g c g g c g   g a g g c c a g a g   300
g g a g g a g a g g   a c c g g a a g t c   c t t c a t c t c a   a g c a t c c a a t   g c t g a a a c g g   g c c t g a t t t t   360
c t c t a c c g g a   a g c c c t t t t c   c a g a g g c t g g   g a a c a c g g c c   c a c c t a g c a g   g a a g t c c c a c   420
c t c c t t g a g c   t c c g c c a c c c   t t c c g a a g t   t t t t c t g t c a   c c t g t g t t a g   g c t c c g t c c c   480
c t t t c c g c g t   t t t a t c c c c g   t a c c a g a a a a   g g a t a c a t t t   a g t g c c t c c c   a c c c a g c t c c   540
a c t a a a c g g c   c t t c c c g c t t   c c t g t g g t t g   t g g c c g c t g t   g c t g t g g g g a   g c g g c c c c g a   600
c c c g g g g g c t   c a t t c g a g c g   a c c t c g g a c c   a c a a t g c c a g   c a t g g a c t t t   g c a g a c c t t c   660
c a g c t c t g t t   t g g g g c t a c c   t t g a g c c a g g   a g g g c c t c c a   g g g g t t c c t t   g t g g a g g c t c   720
a c c c a g a c a a   t g c c t g c a g c   c c c a t t g c c c   c a c c a c c c c c   a g c c c c g g t c   a a t g g g t c a g   780
t c t t t a t t g c   g c t g c t t c g a   a g a t t c g a c t   g c a a c t t t g a   c c t c a a g g t c   c t a a a t g c c c   840
a g a a g g c t g g   a t a t g g t g c c   g c t g t a g t a c   a c a a t g t g a a   t t c c a a t g a a   c t t c t g a a c a   900
t g g t g t g g a a   t a g t g a g g a a   a t c c a g c a g c   a g a t c t g g a t   c c c g t c t g t a   t t t a t t g g g g   960
a g a g a a g c t c   c g a g t a c c t g   c g t g c c c t c t   t t g t c t a c g a   g a a g g g g g c t   c g g g t g c t t c   1020
t g g t t c c a g a   c a a t a c c t t c   c c c t t g g g c t   a t t a c c t c a t   c c c t t t c a c a   g g g a t t g t g g   1080
g a c t g c t g g t   t t t g g c c a t g   g g a g c a g t a a   t g a t a g c t c g   t t g t a t c c a g   c a c c g g a a a c   1140
g g c t c c a g c g   g a a t c g a c t t   a c c a a a g a g c   a a c t g a a a c a   g a t t c c t a c a   c a t g a c t a t c   1200
a g a a g g g a g a   c c a g t a t g a t   g t c t g t g c c a   t t t g c c t g g a   t g a a t a t g a g   g a t g g g g a c a   1260
a g c t g c g g g t   a c t c c c c t g t   g c t c a t g c c t   a c c a c a g c c g   c t g c g t g g a c   c c c t g g c t c a   1320
c t c a g a c c c g   g a a g a c c t g c   c c c a t t t g c a   a g c a g c c t g t   t c a t c g g g g t   c c t g g g g a c g   1380
a a g a c c a a g a   g g a a g a a a c t   c a a g g g c a a g   a g g a g g g t g a   t g a a g g g g a g   c c a a g g g a c c   1440
a c c c t g c c t c   a g a a a g g a c c   c c a c t t t t g g   g t t c t a g c c c   c a c t c t t c c c   a c c t c c t t t g   1500
g t t c c t t a g c   c c c a g c t c c c   c t t g t t t t t c   c t g g g c c t t c   a a c a g a t c c c   c c a c t g t c c c   1560
c t c c c t c t t c   c c c t g t t a t c   c t g g t c t a a t   a a c c c c c c a c   a c a t a c a c c t   c t g g t g a c c t   1620
a t t t g c a c a g   a c c g t c g t c t   t c c c t c c a g t   c t t c t g a g g g   a t a g g g g a c a   t t c c a t c c c a   1680
a g c t t c t c c c   t t a c c c a c a c   c t a t c c t t t t   g a g g g g c t t t   g g g g t g g g g c   t g g g g c a a g c   1740
a g a g g g a c t g   g g t c t t c a c t   t c t t g g g c t a   a t a a a a t t g t   t t c t t t g t g g   a c t a a a a a a a   1800
a a a a a a a a a a   a a a a a a a a a a   a a a a a a a a a a   a a a a a a a a   1839

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

5

cagccgccgc ccatccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
 gttggtggtt ggggcttagg cgagggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactcct 120
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
 gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300
 tcagatcctt aaaaaaaaaa gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaatctgt gagcactcca 420
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggcgccgtgg gatctagacg aggacctatt 480
 aaacttgga tggctaaaat cacgcaagtc gactttcctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
 acaaaggaaa ctgagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaagat 660
 gaggaatg atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
 ttgactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
 cttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttggg agacaaagaa 840
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaatcgac aattttttga cgaacgttgg 900
 tcaaagcatc ggggtggttag ttgtttggat tggatcatct agtatccgga gttactcgtg 960
 gcttctata acaacaatga agatgccct catgagcctg atggtgtggc ccttgatgg1020
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgtgtgtg gtggtacata ttcaggccaal140
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaagaac tccactgtcal200
 gcagctgcac acacacaccc tgtatattgt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac1260
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320
 catcoacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380
 atgtccttcc ctgttgga tgtcaacaac tttgtgtgtg ggagtgaaga aggttctgtg1440
 tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg agatgtttga ggggcatcaal500
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttgga cagtagactt ctcacatctt1560
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac1680
 ccagccctgt ttgacctgtg ggatggcatg gggagattgg atttgtggaa tctcaataat1740
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt1860
 tattttgcca tgttgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacggt1920
 tggcccgacc c 1931

10
15
20
25
30
35
40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 294 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
at tttagggaa agatagaact agaaaggctt ttcatataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa      294

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcatt tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaattt180
ttttgcacaa gctccttttc attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaaggtta atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gagggaaata360
ttctttcctg gggaaaaagt acttagcca atttttggtg actgtagctc aaccctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actagggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttcttggtga cccacttatg ttgatccaca gagggtcttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggaggaaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatttc aagctcgata gccaaagtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca      882

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 179 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

ctttttccta ggtttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacagtggt ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggccctttg agtctgaatc120
cccgggcggt gtagcctggg acccaaccgg tagctgggac aactccagt aattcacc 179

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

DE 198 18 620 A 1

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaagt tccaagagg 60
 tcctgtatatt ttaagaaatg gaatttatatt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120
 ggcgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcatttaag180
 5 gaaataaaag tggaattga atatgggtgg catgttgtag ccgtttagtc tcttatgt 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 934 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgccgg acacaggagg cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
 ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag120
 40 agctattgaa gcttttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaagtgcc tttttatgtg gagtcagaa240
 gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga300
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttgaaaag aacagggtac acacttgatg tgaccactgg360
 45 acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
 tggcactgag atattttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480
 attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540
 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaa gaagcagctc aggaggtgt600
 taaactgtat aataatcatg aaattcgctc tggaaaacat attggtgtct gcatctcagt660
 50 tgccaacaat aggctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct720
 tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780
 tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840
 ccaggcaagg cgtaggttaa ttgagtggta aagtcaaggt ctggggggaa tgttggaact900
 gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gttc 934

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggttaaagg ttggggggat atggagatgg120
atgagagggg gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaacaggtg tgtagaatga gaatgagggg catgacagcc tcctacaaaa c 231
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccct gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaal20
cccatttatg atttgcctgt tcctgtaaga gtgcggattc ctttcctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcac taaatttaaa agaagataat ttcaaacacag300
```

65

tgctttcttt cccttggttt catcattttc atatcttaaa ccaaat+act tgggtatctg360
acaacagcat catctacctc agtcattagg atttcttaast azaaagaga ttgtatttt420
gacttggtta ttaagattat taaaattagc ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480
5 tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcac acgtaccacac ttccagtttc tataccaagc540
cagtctcctc agttttccca ttagaatgga cacgttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
tgcttcatgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagttag gtcacaatgt660
ctccagagc 669

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

cgatcacgtt ttcacatgat gctcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccocag gtttggtgtt cctggagtgg180
45 ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtccctgctc ccgacactct240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

```

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagaggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag          228

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggcctagtag tagataatat 60
atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atatattgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cactctcac ccctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaactgtt ctgtgggttt gggaatggc atttcccggy 300
aaaatgcatc tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gctcgaatg ctctgcggcg tagtgcctt 420
ctgcccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtagggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540
atcggtgaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttccctttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcataatttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtag gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattcctt ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcattttgg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttacaa gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcagggatc 960

```

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgaacctgaca1020
 aaaactgact catgtcttta aagtagttga agccactttt aggaatgtta ctctcggtty1080
 cttttgtcta attctaattg gcttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140
 5 taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt1200
 caggtttccg tggaaggttt ttattgggg 1229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60
 cctgaaattc agagtgttaa cttttagtagac cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120
 ttaccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggg gggaagcatt180
 ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg tcctgtattt240
 ttaagaaatg gaatttatlt aaataatatt taagcttgtg cccatgttgg ccgggcaact300
 45 tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt tttcatcttg tcattttaag aaaataaaac360
 tggaaattga atatgggttg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420
 ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgatc480
 tgttttttgg ggtttttttt ttttaagaaa tattttctact ggttttctgt gactctctaa540
 acacttcac gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttggga ttagtgcca600
 50 gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg tttaggggga gcctaggact660
 gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatattg gctttaacag720
 gtgaccggc cctctttacc gggcttccag 750

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaaccgc ctcttttgag aaggttgcc t gactcagaga cacagaaacg 60
gggtccaggga tggggagaga tgtggagtga ggggaaggtt gcatttgaga aaggaagtcc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttgccc180
tcctaataat gggaggctcag ggccaggctc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
gggtatttggg atttctaattg ttaacccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatataa 120
aaccatttta gctttttact tatatctggt agaattccag tgatcatcct aataagggtat 180
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccattttcaa tatgattttt tgtttctttt taacttggtta agtccctaag 360
agattacatg ctagggtctg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataagc taggttttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcc tttctcttct taugctcag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatatTTTT ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccateaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcaactc 900
10 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtctctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
15 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca 1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agaggttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caaggtgaaa atgccccgtg ccggggcgctc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggttggaact ctgatttatg aagggtgccca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcgccct cccpaggccc cgccgctgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagtgcc cacctccata tacagccatt240
gccagtcagc acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatgtggatg gcaagcttca ccagcatgtg gttaagtgca cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa accccccaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atgtgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttggcc cagtaatgct tatctctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccaa540
tcccaaccag aagggtacaa ggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c                                     611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

```

tggggcgccg gtagctgttg ctgttggggg acccctcat tcccgccgt gccgtccctg120
ctgcctcatg gcggccatcg gagttcacct gggctgcac ccagcctgtg tggccgteta180
taaggatggc cgggctggtg tggttgcaaa tgatgccgt gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aatatttca aatacagtaa tgaaagtaaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgtcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgtttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccagaag atgttgccag480
10 actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaata540
tgtagttatt actgtcccgt ttgatttttg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaattcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaatg gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaag gaggattgtg agaatgggag agtccatgaa gacatatgca240
50 gaggttgatc ggcagggtgat cccaatcatt gggaagtgcc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aatgattca cagctggtaa tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaag gaaagttatg gccgttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggcccac tcagcttcag 560

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatcccttttg180
ttgctgagag agtggaacat aggtcctaga cagggtgaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcgggtg atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gaggttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg catttttttaa atccctctg tttaaaagg tttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtgaat tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcaacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttgtt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5
10 cttaccaaca gcctttctgc taagttctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60
    attttttctt gatttagcag gagccctttt ctatttccagt ttcattttca gcatagtagc 120
    ctttctatac tttttctata agacttgagg aactgatcca ggcttcacta aggcttctga 180
    agaagaaaag aaagtgaata tcatcacctt tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
    attttgtaga tcatgtctta taaggaagcc attaaaggta ctccactgcc atgtatgcaa 300
    ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacgggtgca taggttttgg 360
    caaccatcac tattacatat tcttcttggt tttcctttcc atggtatgtg gctggattat 420
    atatggatct ttcattctatt tgtccagtc tttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
    atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg tttcccttgg gttttatata tcttgatgct 540
    agcaactttc catttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
    ctttctgggg ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
    acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcattgcaga acctggcaga 720
    20 tttctttcag tgtggctgct ttggccttgg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
    gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaagggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
    aacccaaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
    gaagtaaaag tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtggtttt taaagccatt 960
    25 aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
    tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaatgcaag1080
    ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
    atattggctg tttcaaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
    tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaaata gatgtacctg ttttgctttt1260
    30 acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
    aaagagagag ggaagaaaga ggagaaggga agga 1354

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

65 cgtgatctct cctcagtaaa accaagggtg atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
    attaggagta gaggggtgta aataacttaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
    ctccctctag aagtccctgt gtctttgctg gagaattttt atttaagcat ccttttgtag180
    aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
    ctacacagtt cctttattca gttttccc 268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 752 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg ttttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaaatt ctcccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agttttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcaacttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaattg aggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcggt caggaagtgg cttatatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaattcctg ta                                     752

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggcctt ttgcggcact gggtagattt 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggt gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttcctcctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggtttgg cttgtggttt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttaqtqttaac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgcc 540
atctctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaatggaat ccaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tccctctctg gttctacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgcccc tggtccttta aatgccccgt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gccaaagact ttgttaagat catctctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc qtctctgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaatt gggtaaggag 960
atatccaaag ctaccctagc ccttgaccca gcacagttgg ccgacccgtg tcactccctg 1020
gctgtcctg cttctctgtg ctcaactgaag ggtgagccag gccagtgttt cccagcccc 1080
tgggcctggt cactacacag tggaaaacag acaagcgccc ccttcccaa atcccaagag 1140
tgtcttgctg cttggtgggt gctcatcgca atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt 1200
tgtaagtgat atctgggctt caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata 1260
tctgggttct tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtc 1320
ggttctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
caaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
ggttgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccaccta120
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgc180
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taactggctta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaaggtcg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggct360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc acccgcttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcatgctgg cgtgaggctg ggactgctgag tgctgacgcc accttcctgc tgaggtggga600
ctgggcccctg gacacacccc tcagcccctc tgcctcatt gtttgccctc atgggaccga660
gggctggag gagagcgga gtgtgccaa gggttcaaga ggtgttttg ggtgaaatgg720
gtttgt
726

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggc ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gtaggcagg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cttttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcctggtttg atctcatctc acctggattc aaagggtgaa gtgggcatgg gtcttgggcc360
tgacacccac caaggatgac ctgtggactg ccacggatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggctcctct accatacccc tctgccaacc cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatata cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg agccccaac gctcatgctt ctctaataca600
gccctaccaa gacagacaga aaagggaagg gtgagggaga agcttgagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g
681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggg gctgccaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaacaatc ttcttttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtggttcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttctctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatttt ggaattgaac tattattaaa 1020
ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattctt agtgcttaag gcttcataaa 1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60
agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120
ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccatal80
ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

tccaagggtt ctttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctcctg gggttcttac ctccctcccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctctat ttacctctcc caaaccaggal80
tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240

DE 198 18 620 A 1

```

tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaacacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
5 cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc cctttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
10 ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agacttcaca gtgggg 806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 241 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

ggtggaattt ttttgggccc agtatttggg gggatagagg ggtagagggt tgtaaataact 60
taaaattttt ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgcgtctttt120
gctggagaat ttttatttaa gcatccgttt gtagaagaat ctctaagtgc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agttccgtta ttcagtttttc240
c 241

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 266 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

15

```
gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtgta cagagatggc ggcgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaagg acctcaaagg tggtcggag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtggggtaca aattat 226
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

50

```
ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgggtggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggcccttc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccggtgc t 151
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```
gcagccgctcg ccttcggagc gaagggtaacc agcccggcag aagctcggag ctctcggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcgg cgggctccag gcgaggcggg cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgccactgc gcccgagcgg atgaagatgg tcgcgccctg gacgcgggtc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gatttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatcccatt cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttaagggtt 720
acttgattag ctgtgtttgg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgt acccccgat gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccaag gagccaccgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
ggcgcgagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttgtt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttcctgt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
cattgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctgggccc1200
caaagttggg catttttctc tctgttccct ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacccaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtaatttgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttgggtgg1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgtta gaggggtgaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgccccctct1620
ctcctggatt cacatcccca ccaggggccc gcttttacta agtggttctg cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtgggaattg ggatatattt gatatacttc1740
tgccatacaa catggaaaag ggttttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ctttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgttacia agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaatgggtg2040
cg 2042
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 147 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70
- ```

ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60
acaggtagtc ccagtgtctag cattggtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagtgt120
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147

```
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 143 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71
- ```

ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60
aaaggtagtc ccagtgtctag cattggtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120
gtgtgatctg gggtcattgg ggc                               143
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catctctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggaggt cagtctgagc taccaagact 180
gtcccctagac aaagggtggag tccccacac tgcccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggtc 480
tttagaaaatg gttaccttca ggacagtcca gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct atttctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gagggccctg tgacgcccg gctgcttggg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac1020
aggaaaaatga acttaatcaa gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgagggagggg1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcatc ttccccaca gatacacatc1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct1320
gtctgcatat atctcagaat taccccagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgcctgtgc ctcagctgct gtcacaaaata cccatcttag1440
gtcccatca gcttccatc ccccaccag cagccacagt accctcactt tctccctatt1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtg1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaagg ttatggaact ggaggggggtg agctttctgg1680
gtagaaggag acttcctgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgttgttg ttgttacggg1800
ctctgaggga atatagtaaa aatgcataat cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcacc1860

```

DE 198 18 620 A 1

gattgtggac	tgtattggct	aatgtgttcc	ctggctctta	gatgcaacc	attaataaca	1920	
ctatcttata	tcatagtttt	ttcaggggtg	cttcttga	agtgggat	tttgaacac	1980	
tctttaaata	cagctagaaa	ataaaaccaa	tttgtaaagc	cacatttgca	tatgatgcca	2040	
gcctcacgca	tttgatatc	tccagaaatt	caggtatgcc	tcaccaattt	gcccgtcttt	2100	5
aataaaatct	tgtgttaaaa	tttgcacac	gtcgcttcc	tatgtatgac	gaaacaagaa	2160	
acagagattt	ccaattgctc	ttttgtcttc	agacatttag	taataataag	tacctatttt	2220	
tatgctgaaa	tgtttataca	ggtttattaa	tagcaagtgc	aactaactgg	cgcatgcct	2280	
tgcaacacat	tttgatatat	tagccatgct	tccgggtaaa	ggcaagcccc	aaactcctta	2340	
tcttttgag	tctctctggg	atcagtaaaa	gaaaaaaaa	ataatgtgct	taagaagtgg	2400	10
gactgtaaat	atgtatat	aactttgtat	agcccatgta	cctaccttgt	atagaaaaat	2460	
aattttaaaa	atttgaatgg	aagggggtaa	aggaggtcat	gaagtttttt	tgcattttta	2520	
tttaaatgaa	ggaattccaa	ataactcacc	tacagatttt	tagcacaaaa	atagccattg	2580	
taaagtgtta	aaatttacga	taagtattct	attggggagg	aaaggtaact	ctgatctcag	2640	
ttacagtttt	tttttccttt	ttaatttcat	tattttgggt	ttttgggttt	tgcagtccta	2700	15
tttatctgca	gtcgtattaa	gtcctattgc	tagaataggt	tactacaaaa	aaggttatat	2760	
tctgaaagaa	aaataactga	cattatatat	aaccaattaa	tttaaagtat	tgccatttaa	2820	
attacacact	gagagcatgt	cctatgcaga	catagatttt	tctgttcatt	tatttttctt	2880	
cattgcagtg	gattgatttg	ataaatagat	gtgttgaatt	actacatttg	ctgtacatat	2940	
tatttaataa	actttattca	gaattgcgtg	gcaaaaaaaa			2980	20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 227 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

cagcattgct	ccacggcaca	gcataaggat	agatcccaag	tccacagggt	ccattttgca	60	
ggatcatattc	tgatcctagg	aaatgtcctt	ttcccatagt	tgtcctatgc	ctttgggggtt	120	
tagtctatcc	caggggtaac	tgtggagaaa	tcattgggtt	gagagtcaag	agagcattgg	180	55
ttttggagct	ttaatccctt	tctggttgaa	ataagggtgt	caacttg		227	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 246 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaaa ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atgggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 773 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aaggttcctg cctctcctcg gccaggcgga acctctctgc tgggcccggt 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctccgccc gaacggtcgc cgcggccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaacctcc ttctctctt ctctctccg gcttcgcgcg gccctgcctc180
```


DE 198 18 620 A 1

```
cctctcgccc ggccgcatcc gcttgctgct gccaccgctt cctcatcttc tgcccggcca240
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgcga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gagtgaaag actatgtggc caaggagaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgtc tatgagggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggcccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctcctg660
tggcctcaca ctgtgcctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 293 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
gcaacgggcca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggcaa120
actgctesta attttcccta cagagatgat gtcagtgcag tgaatctacc tgtttgggcc180
ttattatrrr tctgtttatt agcattaatc ttgactttta agggttaatt gatagctgtg240
tttgactgac taaccgtaca atcaatggtg gggactcctc tgatgtccgg ggt 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gaccgcggcgt ggctactagg agaaggacgt acggctcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatggggccac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgcact tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtga tttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctattttatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aaggttgcat ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtga gtagtgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaaggtcag gaagggtgtag tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg 870

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

DE 198 18 620 A 1

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgajcccag cccggtcatc tacaaccgyc 60
ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120
gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180
gatttcttca accccagggg tcaatgaccc attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
cagtcatttag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttggtt attaaagattal20
ttaaaatttag cccttcttct gaaatatgac atcagctttg ctgttcttaa tttaaaattal180
gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtccttct cagttttccc240
cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggtaaa ggtaggggac360
aagggaaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2483 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaaattat gccatgcata atttctttgg tctcatgttt 180
ttccccctt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgagget gatgactggt gtatcccaag 300
cagggaaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agagggacac tcaggacact 360
ttacgggatac aaagtgggtc tacaccagtg ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaaccct 420
tgtttcctcc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccagga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tccttatttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
gatgggtggt agcagtttca ctaagactga tatttttagg ctcttggtca catcaaaaga 720
laattgggtgc agaataaccag cattttcctg ccattgcaaag gattaaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatatg tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctgggtg actaaaataa gggttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacattttta ttcaagtgt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
atcaacttat gtaaaaacac agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt1020
atgctgcttt tctgttcac ttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagct1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcaactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt1140
gccaaagtta cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt1200
ggaaaaacac gtgttagyga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc1260
ttttctctac cctgaatga aggtaatcca aaggcatcca ttttctaggc ttaaaagata1320
tatttttgat atatttaatt atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt1440
ttaaqcaaat aqctggagc taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcataat ggtatttttg ggagagttaa1560
ggtataaatt gaaggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg1620
aaaaatgaaa qaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagagggaa gcagaaggca1680
ggcatttttc tattttcccc acaaatatt ttcaaaaaaa tctgtatttt ctgggatattg1740
tcatggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcttta aatgcctctc1800
actctacaa gatagtaggc tttgagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacattttaa1860
ctggcatata gaaaaaaagg aggttttttc tgcattgtaa aataatcagt atggtttata1920
tgttgaattt qacatttggt tgaattttca tgggtggccta gtgttggtgt gcttctggtg1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt ttttatcatc agaagtccta2040
gacagtgaca tttcttaatg gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag2100
tttgacgtag gttatttggt atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acattttttac2160
atgtaaatat ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaataa2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga2340
agagcttttag gattctagta gatggatact gaatactcag gcccaactta tttatttaag2400
tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata2460
aatatttttt atgatgataa aag 2483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tggttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttagga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac                                     202
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 353 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```
ggtggtgggg.gggggggtgt tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180
```

DE 198 18 620 A 1

ttagttgctt catcagtaac acacttccag tttctatacc aagccagtct cctcagtttt240
 cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgr.ct gtaatgcttc atgcagagag300
 tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacc 60
 ctccggacag ctccccgcgc caggctttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
 ctgcactcag aagtctgcag cggctccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
 gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaacia 240
 gctcccaggt aaggcggagg ctgctggtgt gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
 gtgcccaggg ctgatatata ttggaaatat caccctgtaa gccatcgctg gccccacact 360
 cctgtggaat gatgccccag ggattccac cccacttctg caaccccagg tatccttcat 420
 tatccacccc atcccagact cccaccccag ggattgccc tgaagacttt ggcctagcaa 480
 attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
 ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
 agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagtaggc ttctggaata gaaacagtgg 660
 tttgaagacc ccactgccac ctttatggac tggccccttt gagtctgaat ccccgccctc 720
 tgtcacctga gacccaacct ctagtgggc caactccagt gaattcacc atttttcttc 780
 ttcagaaggc ctttctgtgt tgagaccac atattttaac cttttgtctc tatccattt 840
 ttaaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgccctctggc 900
 ttcttaaac catcatctaa ggtgacagag cagtgtctgg aataggcatc ttcttttcaa 960
 ctttcccaa actggccaca gataggctgg ccatgggaag ggtctttgga tttcggggga 1020
 ggcaaacgtg ggggattgt 1039

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

```

gaacagttgg aagcttctta tctcttttta gggctttaac aaagaatddd gttttatttt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcaggga                270

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaagag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tattttcaag aaaccgatgg aatgttcaaa tgagggaagt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatddd aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccggg300
atgttatttg gtcggggcaa ggttggaagg                330

```

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```
atttaagtat_ttttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatggtca agtttccaac tgagtcattc tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

DE 198 18 620 A 1

gggaggcttt gtgttgggga gtttggttat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60
ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatatc tggtagaatt120
ccagtgatca gcctaataag gtatatttca gaataatfff ttttccttc agaataactt180
agaatcaga 189

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagtct aagtagctgg gactacaggc120
acgtgccaca agcccagcta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180
ccaggctcgt cttgaacacc ggggtcaag gaactctgcc atcttcgcct cccaaagtcc240
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgcca gcctccttga agtttactaa caattgggat300
aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttctttca ctacctttct480
tacccttaat gtgccaaagt tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540
tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tcgtctcatt catgttattt tcaagtgaag600
caagacattt tgggggtcaa gtctcttttg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660
ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780
cttgtaaaat aaataattgc attgtatata agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840
ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

60

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agacccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgtgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact 224
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
ctccttgtcc aacggaaaaa acatggaagg gttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
accttttaggg cctgcgtcct ctgcctttgg cccatcaggg tcaaagagta ggagtgaagg180
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggg ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctgcgtctgga ctctcagacc tgctgctttg300
```

DE 198 18 620 A 1

```
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatittagt qqatcaggt ccagtcaata360
ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
aggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctagatccct600
gccaagggtt gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtcc agacgaggtg ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttccttctc actcctactc ttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780
aggccctaaa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctgac ttttactccc tagtgtctct840
gcataa 846
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 223 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttggg tggtagttat gcaaggctac atg 223
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
cgaaagcgctc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctcg attatcctcg ccaaggactt 60
tgcaatatat ttttccgcct tttctggaag gatttcgctg cttcccgaag gtcttggacg 120
agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgagcaa gatgcagacg gtgaccgccc cgggtggagga 300
gctttttggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
gttgatgaat gtggaccag acagcgtggt cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cacgctcctc cagtccttct gctgtgacaa 480
cgacatcaac atcgtgcggg tgtcgggcat gcagcgctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccc agacctgcat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggagggt gccagctact gcgaagaaag 660
ccggggcaac aaccagtggg tccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
tcccccccag cacaaccccc ccāaaacaac ccaacccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccagggc 900
agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca ggccagcagg 960
agacaggacc ccggaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg1020
ctgccgcctt ccccatcacg gaggttcag actgtccact cgggggtgga gtgagactga1080
ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttggttgall140
acttggttgg tcttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg1200
gctgaagtgt ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctatttt1260
gttaacttga cttgttattc gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atatctatat1320
ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
 gagtggagag gcccggggcc aggaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120
 ggcagggaaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag 180
 cagccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240
 gccatttctt acctcgagg tggaaggccg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300
 aacaccaacc gcccagccc tggcgggac gagaggaaac tggtagcaaa gctgcagaat 360
 tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420
 tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggacct aggacaggat 480
 ccaggccggc ttgccacacc ccccacccct aggacttatt cccgctgact gagtctctga 540
 ggggctacca ggaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600
 gggatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660
 gctctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720
 aaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

agggaagcta gtagcggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
 taaagctgag cgaccagtg ccactggaga cggtcagctt ctccactcag gctcctccag 120
 cccgagccag aagacccctt ccccagaaat tctgggggcc gatggaagg agccgagtca 180
 gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gaggtagccag aagccccgcc 240
 cctaggagtg atcggaagc ctcacccatc cgggtgagga acccgagga ccgcctccgg 300
 gcggagcgcc gaccatggct acgcccctgg tggcgggtcc cgcagctcta cgcttcgccc 360
 ccgcggttag ctggcagggt gtgcgcggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
 agtttctgag atctctgcgc gctgttgccc ctggcttggg tcgctaccgg caccacgaac 480
 gcctttgcat gggcctaaa gccaaggtgg tggtaggact gatcctgcag ggccggcctt 540
 gggcccaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
 atcccaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
 agcaggtgaa gcagctgtca gaggtcctg tggatttggc ctcgaagctg caggaaactg 720

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgcttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcaactctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tgggggtggct gcttcagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcttcagcaa caaagactag cactccacaa tcccttgcca aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttcctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctgctggcc1080
gacacttcaa tctggccctt ctaggccgac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca tgctgtttcc cttaggaat ctggtcac1200
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttggtatg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattaccat aggggacttg gtttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga cacccttgata cccactctct gtgaataact accccttctt gccacgggtg1620
ccatacctgt ttcttctctg gactgtagag acagtcttag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgcctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaaatc caggcttgga ttgcctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttgtt aaaaa 1825

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg ccctccgggg agcgattggt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
taccggcggt cgctgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggaagc gcgctgcggt 120
55 tccggtggcg ccatgtcgtt ctgcagcttc ttcggggggc aggttttcca gaatcacttt 180
gaacctggcg tttacgtgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcggtc accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaagggtg cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 ggggttggcc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcctt attctgaata 420
ttcagcagct cgctgaagtt tgtccctaaa gccaaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc accccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaaggc cccggctctg aacaagacct tttcgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgccttctgc tgggacaggg ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccct gctcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

DE 198 18 620 A 1

gctgggtctct	gaatgacgtt	acaccctcac	cttcttttcc	tggccctguc	tctggactct	840
ccccgtgtgag	gccaatttcc	aagacagact	ctcgtcctca	ccgaagctta	ggccccacatc	900
tcccaggctg	cttaggagac	agaatggaaa	cggaggccgc	ccctgccagc	cgccctggcc	960
ctgggtcactg	catgatccgc	tctgggtcaaa	cccttccagg	ccagccagag	tggggatggt	1020
ctgtgacctg	ctgggaaggc	aggctgatgg	ggcacaccct	tggcctctcg	tccacgaggg	1080
gagaaacctt	aaccctgttt	cacaatctgt	gcggaagtag	cttgccctcac	ttctgcttag	1140
gaaagcggct	gttgctccat	aactctaacc	agcacagggc	tgaggcctgc	agtgcacacc	1200
tgcagggagg	cccttcccaa	ggtgtggtga	ctgtgcctta	ctgtacatgc	tcggaggcct	1260
ggccatatag	gaggggtggg	gatgctgaaa	tcacccccca	tcttaagtaa	ttactttctg	1320
gagtaatcag	gtggaaatcc	atagacaaat	gaaacattca	gatgtaaaaa	aaaa	1374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttgggaagc	tcctggatct	ttgtcaacct	gactgtgcga	ttctgtatct	tgggaaaaga	60
gtccttttat	gacacattcc	atactgtggc	tgacatgatg	tattttctgcc	agatgctggc	120
agttgtggaa	actatcaatg	cagcaattgg	agtcactacg	tcaccgggtgc	tgcctttctct	180
gatccagctt	cttgggaagaa	attttatttt	gtttatcatc	tttggcacca	tgggaagaaat	240
gcagaacaaa	gctgtgggtt	tctttgtgtt	ttatttgggtg	agtgcatttg	aaattttcag	300
gtactctttc	tacatgctga	cgtgcattga	catggattgg	aaggtgctca	catggcttcg	360
ttacactctg	tggattccct	tatatccact	gggatgtttg	gcggaagctg	tctcagtgat	420
tcagtccatt	ccaatattca	atgagaccgg	acgattcagt	ttcacattgc	catatccagt	480
gaaaatcaaa	gttagatttt	ccttttttct	tcagatttat	cttataatga	tatttttagg	540
tttatacata	aatttttcgtc	acctttataa	acagcgcaga	cggcgctatg	gacaaaaaaa	600
gaaaaagatc	cactaaaaag	aaagatttag	atggcttctt	gccagtttga	gcctaattctg	660
attctttacag	ttttaccttc	ttgaaccaat	gtaaaagttt	ttttaatgtt	aaatgattaa	720
attctcagtg	aggctatctt	ccttttcccc	agtaacattc	ctgaatttac	tgttatctta	780
ttgtagtact	tgcatgacat	ggattcctga	tatctgatga	gagggttcatt	cttgtgtatt	840
cagttaatga	caccaaagg	ctcagcccac	cccaacccta	tctcatgttc	agtctgtcta	900
atacatgcc	gagatttttt	tttcaaaaag	tgctttatcc	ctacaatgta	ctgacagttc	960
ttacagttga	gatttgttct	tttcagctat	tgcttgtgaa	aaaaagcaag	actatgtcac	1020
tctatagaag	gctgttaaag	tgactcaggc	aggaattaat	tattctgtac	ctaaggggtt	1080
acttgtttta	tgggatggca	ttgacttttt	gaaaatcaag	tggactgagt	cattgataaa	1140
acattttctaa	gagtggggct	agagaacata	ctttacatct	gacatccttt	ggcctaacaal	1200
catctattat	tatagtgtct	agcagtgtgg	gcattgaaga	ggcgagaat	gctttgaaaag	1260
aaactaatca	gaatcttgg	acatcatgat	catgccattc	ttaagtaaat	caactattttt	1320

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gacaacaat agattacaag ttccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagacct ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaattagct ggggtgtgat ggcacacact gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcaagtgage cgagattgtg1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaacac agtatgtagg tcaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcatctctg tgctgttcag1980
ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cgggggtgaa2040
acccgctgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaa2100
15 tttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcataca ttccaagtaa2160
accaagtata ataagtgttg gagtaacact tgcataaaaag aatttaagga gtgatagtc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttgtttg tattgatttc tgatattcct gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcacccctgt ggcaaaattc tgtattctta gtgattgtta2520
caaacccctt tattgtctgtc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaa aatagaagaa aaagg 2615

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggtatc cggttccggt gggcctccat cagcaagctc cagtgtctacg 60
tgtccctggc attttagggtg tgggttgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
60 ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggttaaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgccca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatggg cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggtg300
gctgaataca ttttgaaga gagtttttca tcttagagat tgggtgaacaa gtgtgagggt360
gtgagaaact cacagaatac aaatttgccg gtatgttttg tgggtttttt tttttccttt420
65 caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcggcccgcg aatttagtag tagtaggc 508

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3588 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaggggaag ggaatcccat ttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggg 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaatgctga agaaagtgct tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taçgtttcct ttggtttata tcccagttc ttaatactaa aacttatttg acttcctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcatttaaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccctccttcc 540
accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgtttcag agaacattaa ttcttgtata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttccagcca ggcattttaga tcaactctaa gcctttgttg aattctgagg aaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtggggc 840
gcgtgqctca gctttggaaa atcatttttg cagtaatatt gcctgtgaat ccctttaaga 900
agtçgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggg gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaaaa 1020
agttttctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc agggaaggta gaggtgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc 1260
aaagtçctga agtaaaaagg agacttggag ggçctttgct taatgagcaa gaggcttgtg 1320
tcttcccaag aacatgaggg agttcagaag ggagctatag ctcacagaca gaaacctgcc 1380
cgctaccccc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttag ctctgagaat ctactctttt 1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcaggg atcagaaaaca tcagagtcca 1560
gggcccagtg gcatgggtgt gcattagtag ttagaaaagt aattggtcag ctctactgta 1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat 1680
ctgaagactg tcaaaactgt tgataatcaa agaaaagggt ggtgggttaga ataagtaaaa 1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaaggaggt caagaatatt 1800
tcaggttgtt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg 1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc 1920

```

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1930
ctctgaggag gcagtgaggc cccaccttgg tttgtctcca tgttggtgct agtctccaaa2040
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaagg ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctcccttt ttccaggtgt gccatccata tacaatctcc tcttgcccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccggt gggtgaggca aagtagccaa gatgtattga gttaagtttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtccctt tccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtccctgt gggaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgttttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760
cttggtcggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccctt aatccaaatg2820
ctgtccagga tttaggagct acccaacctg tggttatatg gtgttggttt ccattttttg2880
tttgtttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctcagggtgt gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
20 tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaa3060
tagttttctt gtttcccttt ctcgaggtgg atgtcctcag gcttccttca cactccttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagttaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccaggttttg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttcttc3240
tctaaagaac agccagcca cacatataac cctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtggtacca gcaatggagg acaggcagac ttacccctgt ccatctagag agaattgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac caccctcata tccactcct ttttgtaaaa acaaattgctt3420
aaacctgtga gcctgcccgt cctttctatg tgtaaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtagg tgaatcttg tgccaaccaa taaaaccag3540
tatttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 3588
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

65 tggtggcggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgattttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgctca gaggaataat tgatgggaca cttgggtgtt 120
gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttgaggca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```

DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcaccccat cttaaagaac agacargaaa aaglacaaaga gaattgtatt 390
gatcctgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca ctttgggta tattgcaaag gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag tttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacccctt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tatattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgcccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttg acacagacag acggctagtg cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat tgcgtgaatc acttgttgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccggg aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattggttcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttaccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtggtttat tttggtggtt1140
aatgccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg 1218

```

5

10

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

50

```

gtgctcaaga agtgccttga gttggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
caggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt ttagtagcat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgtag 180
agtgcacaac aaaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgttctgg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggg tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggcoct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaagttaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg atacccttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaatgtca attgctttta acttaaatca cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
attgtgtata taatgtttta tattgttcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaattgg actgtattgt ttatatttgt 900

```

65

DE 198 18 620 A 1

```

accccaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt qcattttgtgc aggattcttt 960
aggctttatc agtgaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc ca:ataaattt1020
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaaagg agaaaaaac ataagctgtg1080
5 tttcccccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatattcc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcac ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt1260
atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaaa gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttta agggctcctt 180
45 tcggatctac cctctgcggg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggttaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
qctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccagg tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
50 ttatgacacc ttaccgggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
aggttcccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
55 agagcggtt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcctt ttcaacatca caccgccgaa 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
60 gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcttggaal1080
tgaagaaaaa aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagtttt tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
tgacttgctg cacacgatca ttctgcgaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
65 tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440

```

DE 198 18 620 A 1

```

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcccccgcg taatggctgg1500
gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cagagaggag gccgacgaga gycagccgg1560
gaagggggcg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaata gaccagaaac1620
ctccttcctc tgggtcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatcgtgt ggccgcgctt1680
taagtgggtc atcatcggtc tgctgttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
cctctactct ttgccgaact attgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggcct catttcaaga gtcacccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaatac atgtttttca2040
aaatattttt caaggtggct ggttcattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
tctagacttc agcttttggg aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatac agttagaata2220
gttagaaciaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatggt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1377 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

cattactggt atatgagaaa catttttagta atttaataaa aggataatgt ttattttaaaa 60
aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaattgtgt aaatacaatt gacataggaa 180
ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcatcagc ctttcagaac 300
aaaaagacag tcatctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttggg 360
catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
ataaacttct tgttcaaat accagcatca gagagcttcc catttgcac tagaccttga 540
atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtgca 660
tcagtaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtaggttt tccctgtagt 720
tcttccttta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaaa actatctatc 780
ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
atttagggac tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gtagagatt tcattttaca 960

```

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttaaa tctagaaga1020
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca tttttaaagt gaaggattca tagcacagat1080
 tacttgcta agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaaga1140
 ttagtcccca aattcagtgt tcttcctagt attaaacatt gccctttcg acaaattttg1200
 gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260
 cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtg1320
 ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcattgtaga agttataaag cagagta 1377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
 gtgttgagc aggacaggca cttagttctg atgctgtggt cctttgtgat agtagagcac120
 cggggttaac caccactcct ttaggtact tgtagtgaca acagaagtaa aatatttca180
 ttatttaatt tagaatgta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
 aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300
 attgacaggc ctttt 315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
 aaaaaaccag gagtgaaaaa ggaaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttggtttgg 120
 gaatattagg tgatcctgtt gagattctgg atccagagca atttcttttag cttttgactt 180
 tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtattttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
 caactgaaca attccccccg tggctgcca gatagtcaca gtcaagggtg gagagtctcc 300
 ttccagccag tgacctaccc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
 agcccagttt tctcacgtgg ttcttagctt cttcagactc agcccaaatt aggaagtga 420
 gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggt atggaatctg 480
 agggaagatt tatgtttcgt ttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
 taccctttca acctaccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatta 600
 gatagccctg aattcactct aattataaac agggagtgtg aactgcccc agatgttctt 660
 gggctgggtg aaagcagctg gagtgaagca ctcatcttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
 ctcatgtggt actcaagctc aaaagggttt ttttaagagc aagcattggt taagtctgtg 780
 tatactgagt tgggaagtgt ttccagcacat tcttttttag tggagtgaag gttctgaagc 840
 ccccttttaa cttcctcttg gtttttcatt ataattggta gccatctcat gaactgtctc 900
 tgactgttgt cttcttggtg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcattttctg 960
 ctttatcctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga1020
 gggattttaa agtaagatg tattttattct gaagaatcta aaagataaca gattatttgc1080
 ttatgaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaagg taaagaagtc1140
 atctccttca aatactttta taaagaagta ttctcaggag atatctgtcc aaaaagggtt1200
 gactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaactt accactaaat ccttgagtct1260
 ccataagata acagtaaaga aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg1320
 gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagacca tcccctagtg ccagagcttg1380
 catcctggag actaaagatt gcactttttt gtagtttttt gtccaaatgc aatcccat1440
 ctgtgcctct tagcatgcag ttagatttgg acaaaacaaga ttccctaagg atgactttat1500
 taactataat atggttacag ctattatata aatatatatt ctggttatag ttctaatatg1560
 gagatgttgt gtgcaatgct ggctgtggt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatggag1620
 gaggcaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc ctttaattta1680
 gaactgtcaa gatgtcactt tctccccctc tgctttttag tggatctga catatactca1740
 aaacagtaat ttctctgtca catcattaac tgctaattct gtattttata agaattttca1800
 gatggacatg tacaaatttg aactcaaacc atccccagtc cagatacagg gcagcgtgta1860
 ggtgaccaca ccagagcctc agcctcgggc cttctcagcc gtcgggtag gatccaggca1920
 tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtgtg1980
 ttgccaata gataccatt atactaatgt gccaaagtaa tgttcattgc acatctgctt2040
 ccactgtgtt cccacgggtg ccataagtg tgtgaggagc ccctcatctg gagggatgag2100
 tgctgcgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatct acataaattt2160
 tataatgcaca gtaatttccc tttttatatg tcaagtaact atttgtaaaa gttatactca2220
 caaattatta taatgattac taatatattt ttccatggt tcattgcctg aataaaaaact2280
 gtttaccact gttaaaaaaa aaaaagttaa aaggaggagg tgggaaaaaa aagctggggg2340
 gggggcccgg tagcc 2355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcagc agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatattctgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   tttattcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcatg aatatcaaatt cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt tatcaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtggtttgtt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg tttcaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tggttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatatct tcattagttc atcataaattc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataaggga atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt cagggtttta aaatcattta ccttatttaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaacccaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaatattc 960
   tcttcaaagt ccaccttctc aatttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg1020
   aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc1080
   tcagtgaagt aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa1200
   atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtcctg1260
   tcctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc1320
   ctgttcccaa gtgccttgt 1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

gatcgcgagc	ggccttttgg	atctatttgcg	caaaagaagt	ttcatttttg	ttacttagac	60
ctaagatcac	ttatttaaaa	tccttatttt	ctccaagccc	agcaaacgtt	gacttctggg	120
caaacctgaa	aacctgaaaa	tgccactttc	atgcagtttg	tttgaagtta	agtggaaatcc	180
tttcaaatga	cgagctgcag	agaactcagc	accaagggct	gcctatctgt	agatagctgt	240
aaaatggaat	attttttaaat	gaaggcaaat	aagtacttaa	aagtgcagctg	agcaataaaa	300
tggtccaata	ataggttaaat	gcaacagaaa	cagaaggaga	cctgggtgcc	ttatgccttt	360
actctttacat	ggaataaaat	cccaatgcat	atcctatgta	aaccataagt	gaagggaat	420
aaacctcgtc	atgctccatg	ctgtgaggtg	tcctttggat	attctgtgat	gacagagaag	480
cctattttgt	tttgttttca	gcatctttct	ctgatgtacg	tttttaagga	ttttgtaaga	540
gctgttttca	gtgttttaaat	tagtgctatt	tttccttggt	tttaaaaatg	aatctcgtac	600
tgatctttac	tatgtccata	cagatgttac	aaatcgacag	ttttattctt	agactcatgt	660
gatccaagct	gtatatacca	tatataaaca	ttttacatga	atcatttagt	tttttaattc	720
atttaactaat	gctataaaat	ttcctataat	accccgagta	tttgcacatg	ctgggtttata	780
tactaaagca	acatgttttg	atgagtttct	tacatcctta	tcgaggaatt	gggttaggaa	840
aaaatacata	attgtataaac	tgagttttgt	gtattatact	ttttttcttg	agtattagtt	900
gtattactaa	tcatatgttg	attaactgtc	tacttaaagt	caaggtacct	gtatttttaa	960
tccactaat	tttttttagt	tgggaaatag	atttcagggtc	ttttattaga	ctaacatttt	1020
ttgagaagta	aatgtgactt	catatacaaa	gcctgtaatt	ttaggcgaaa	tggaagcaga	1080
aatctagga	gtgtgtcttg	cttgtatgtt	gagtttggtc	tcagactaag	taatgcatcall	1140
gaattcatct	cttttgaagc	tgaaataaatt	taggactctg	attcactgac	caaaagtcag	1200
tggtgcajua	atttctctac	cccgataggt	attttgttag	attgttcaac	aggaagcaca	1260
tgattgagaa	catcttgjga	cagaccaaaa	ccactgacag	atggcaaggc	tcggcgattc	1320
tgatttccct	tctcaaatct	gctcaactcc	aagagtcctg	agaaactgct	aaaattttgc	1380
ctctgtcact	caagctcttac	aaatgttatc	ttgtaaacct	ttgaggtgaa	ctattccact	1440
gtcttgtlaca	taggcactctt	attcactgca	ccctgtcaca	cccagcacc	cccgcctcgc	1500
acattatttg	aaagactggg	aatttaattg	ttagggacag	taaactctact	tctttttcca	1560
gggacgactg	tcccctctaa	agttaaagtc	aatacaagaa	aactgtctat	tttttagcta	1620
aagtaaaagg	tgtgaagaaa	attcatttta	cattgggtag	acagtaaaaa	acaagtaaaa	1680
taacttgacc	tgagccactt	tagatccott	ccctccatg	ggctttgggc	cacagaatga	1740
acctttgagj	cctgtaaaagt	ggattgtaat	ttcctataag	ctgtaaatagt	ggaggtattg	1800
tggtttcalt	tgagtaagcc	ctccaagat	accattcaaa	taacctggga	gaatgtcata	1860
aattatttcag	ataattaaca	ctgcatgaat	ctgattcaga	ggcatgcatt	tacatatggt	1920
gccctaatta	ccatttgatg	atcataaata	caagtgaatg	acattggact	tttagtaaca	1980
aacttaattt	ttaaaaaggt	gtagacaatg	gtgggttaaaa	aaaaaaaaaa	aacaggtacc	2040
agggttctgtc	tgtttgcacc	aagtaattga	catgtttttt	gtttaatata	tgtggaccat	2100
gaacagtatt	catttctactt	tttcaaatga	tatgctgtag	aaaatatattc	ttgaagatgt	2160
gagattttaa	aatttttccc	tttcaatggt	gttttaattg	tatttcttac	ttgggttttt	2220
tgatttgatac	cacagtgata	aatcataata	ctagacaaaa	ttgtcttctc	tttcaaacca	2280
gagccatata	tatgttrgtat	tatatgggac	ctactgcttc	tctgaggaaa	tgcataatct	2340
gttaatatca	gacaaaaaga	gcaattggca	gtgctcataa	tatatcccaa	tttttattgg	2400
aattttcgtat	ggaatgttat	ttcaataaag	ccatgtaagg	tgaaactttg	ataacttttt	2460
actcttcaag	ttagggtaaa	ttctgatcca	atattcaatt	catttgtgta	ctcccacatg	2520
caaaatgcta	aattacaatg	cagacattaa	gaaaaagtat	tgactggagg	gggtgaattc	2580
cttgagaatt	tattttatag	tctaaatcac	aaatacttta	ctcaatttag	tttttaaaat	2640
agtaaaactga	atatttttgt	tgtaagccta	tcagagtcaa	tccttcgttt	ggaattgttt	2700
tcctgttttt	ccttactata	aatcatttta	aaactgaatt	cattttctta	gatggcataa	2760
gtctgtctct	tgagaaaata	gtaaaatact	cctattttca	gtatctgtag	cacctgaaat	2820
aggctctttgt	atagccagaa	acaagttatg	ttgaagttag	cttttctttg	tcaacagttt	2880
tggaacaata	aaatctgaaa	gtattaacac	ttgattttct	actggggccc	ttcaaacttg	2940
gttggaagaa	attcaaccag	aatatctaca	ttagagtata	atcatgtgtg	gtaggaagat	3000

DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaattttttg tgattttttt ccagccaggt 3060
ttttttaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt atttgtaatg taaactattt 3120
tacaactgtt ttgcgactt tataggcagg taaattttgc tattactatt gaatacaaat 3180
gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca tttagtgaca aaggattaaa 3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgttttaa tttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
attttttaaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaagt acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaag atttttgttc ttctgttca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tcctgtgtgt gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cttttaatta ataaaaaaaa 3720
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccgcggagag atcgagggtg acttgcccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgacctt cgatgacatt ccgcacctct 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacacctga 180
acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tcctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```

gccaaccttc cctcccccaa cctgggggcc gccccagggt tcctgcgcac tgccctgttcc 60
tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagaggagc tggaacctaa ttctcctgag 120
gctgaggagg ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttcctcct ccctcctttt tattttcaag ttcccttttta 240
tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttacccgccc 300
cgccacctcc ttgctacccc actcctgaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
agtcagagag ccggcactct cagttagcct ctggttaggt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggcctgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtctcccg gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
gaaaaggaga gcagtgtca ccaaaaaaca gaagaagcag cactctgtcc tgcacctggt 720
tcccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgatgt ggcaaccagc 780
tcttaggcgt gggagaggcc tacaggccca aggatatggt gtccgaatcc aggatgctgg 840
agtttatctg ctgtatagcc aggtcctgtt tcaagacgtg actttcacca tgggtcaggt 900
ggtgtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctattc cgatgtataa gaagtatgcc 960
ctcccaccgg gaccgggccc acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttcc atttacacca1020
aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaagggag aaacttaacc tctctccaca1080
tggaaccttc ctgggggttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg1140
gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaaagagc gagtatataa aggagaggga1200
atgtgcagga acagaggcgt cttcctgggt ttgggtcccc gttcctcact tttccctttt1260
cattccccacc. ccctagactt tgattttacg gatattcttc ttctgttccc catggagctc1320
cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tggtcagacc1380
tggtcggggc cactggaag catccagaac agcaccacca tctaaccggc gctcgaggga1440
agcaccggcg ggtttgggag aagtc 1465

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cgcccgagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgcgcgc 60
ctcggccccg ttgcccggac ttccggcgcc cggacgcctc tttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggcggagc tggctgcgct ctgccccacc acgctcgccc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccgtggc ccagggtgcc acggaccccc gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgcccggat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagttccac cgtcgctacc gcctgcgcgc tggcgtggat ccggtcgccg tgacgtccgc 420
gctgtccccg gagggcgctc tgtccatcca ggccgcacca gcgtcgcccc aggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtagg agggggctgg gccgcgcccg caccgccgga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgteccgagt gcgccaagga 600
ctgtcctctc acccaactct ggattctgcc ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagaccc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tcagctttc cgacccaca 720
ccgacaactc cccggcttcc agaccctacc agcactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gaccacttt cttggcatat agccccactt aagaccctc ctctacttcc 840
ttctgagtc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
cccccaaac gtctggact gcacagacct cccactccag accatccagg cctggttccc1020
aagaccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gccattttc1080
tgccgtgaca ccccgccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaaact1140
cttggaacc aggcgaacta gaacacccaa caccaaactg tacagactct cccaccccaa1200
cctccccaga ctctgacagg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc ccttgcctt gacccccaaag ttttcaacca gatatactcg gcaacccacc1320
tcccaccctc ctctctctc ctttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tcccttagtc tttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gcaaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgg ccggaatt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
 aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggtcatt ttatgttaag 120
 ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac 180
 tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg 240
 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat 300
 gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgcctgaata tttgttatgt 360
 agataacaag acctcagtg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggtctaa 420
 ctcagcaact cgcttttagt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac 480
 ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg 540
 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg 600
 aattaaagt gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt 660
 tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca 720
 agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg 780
 gct 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
 acccccgtc cgccacttt cctggacag tgccctcgca ggagtactca caccgctcc 120
 cgccacacac ctcgctcccc cagtcccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
 cctcccagca gcccggccac caggatttct acagggtgta tgggcagccg tccacaaac 240
 actacgtgac gagctaacgc cagcagggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
 ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcctc gcctccccctc 360
 ttcctcatte cattgcccca ggtcttttcc ttttggattt tgttttgggt ttggttttgt 420
 ttttgatttt tttttattat gaatctcctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
 ggccaggacg gcagggtggc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
 ctctctgttt ctcttttttt cctctactcc ttcccttca caccctcggt gctggaagga 600
 acctcggtct ccctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccgc ggaggaacgc 660

DE 198 18 620 A 1

```

ccagggcccc gggcttgttt ctctctctgt tttctttttg ggcagttcga tcaactgatcg 720
agtaaggaat gaccttttaga ttgtgcgact tttgtttttg ttttttttaa ttttttttaa 780
ccaagaatga tttctcctgc ttctttctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
5 cacttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaagggg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacactcact gccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgacct catctgctc agtgagagcc aggtttctga 120
45 ggaacaagaa gagatgggag ggcaaagcag cgcggcccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtgg gtggtggagg atgctccaaa 240
cccgatgtc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300
tttcccagag ctgccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa ggggttatag ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
50 ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataagaat taaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gagggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
55 aatgcaaatg tatactgtaa gtctacctt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcatttgtcc acagtcagac tgcaagagag ggtaggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctggc tgtagcccc acagaggcaa tcatgcccac tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtgaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
60 ttcagatgag gcaagaaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattagg 1080
cttagactgt gcaaggggct tagctaagtt atcgagctta aaaccggtca attaaacaaa 1140
cattattttg acagttactg catgccacgc actgtgtttg gcttagtaat aaaaaaagaa 1200
aaagataagt gcttggttcta gcataaatta aaagggtccaa gggaatttaa tctggaagag 1260
aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaatagccc 1320
65 cgggttcagt cccagaaggg caaaaaatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa 1380
aaaaaa 1386

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

ccagtcctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatgggt gctgggtccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcattgg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcttgcagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaatata cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagAAC agacagtggg gtggaggggg ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatattcc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttccctt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaatgt aggggaagggt ttctgtctga gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccca cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcattgtgtc caccagctca cgtagaaat gcaattgtct gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctattt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaatgctt gttcctgtcc agagggtgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggcccctt accagtgtga ctgcccgcct ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc 1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctacocct cacaacatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagtccc tggtacacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgctac taaataaaaa 1740
aaaccgc
1747

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggccggga gcccgcgggc cggagccgcc 60
cggcccgaggc gtgggggctg cggggcgggc ccatccgtgg gggcgacttg agcggtgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcacca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccgcg agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctccctcaacg gctccatggc gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtc tttgctgggac ctccctcctgt tgggggtccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaacccc agaaacaggg ccggacctcc tcctctacca ccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgccctgccc 840
agaggacatc gccaaggaaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgccctgagg cctggaagcc caagtgtctg cagcattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggtcc agggccaggc gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcaggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcggtgttc 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaac aacccacaat ttttgaaaa cccttgtgcc aatgattcat 120
atfttgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaactt caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggtctcag gccgggtcacc tggagatgag aaaggcccgc 240
gggggggacc atgtgcctgt gtcccacgag cagccgagag gccgggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctgggggtca aacgagctgt cccggggggc 360
caggaggccg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgcctgat gtccagggtg acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccacgc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tgggccacag ccggcagcct 600
agacaggcgc ctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tcctcggcca gcagcaggtc tgtctcagcc gcattcccag caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggttttc tgtctgaggc cctcaccaag tgtgagtgc 780
agtataaaag attcactgtg gcctcgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctggtgcac tcccaggctc aggtctggga gctgctgcgt 960
ctgtggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc1020
cgtgcgtgga ggtgcgcagt gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc1080
atccaacccc acgcttgag tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgct1140
tcccacagtg tggtagaaa tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa1200
aaaaa 1205

```

30

35

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15 ggtattttcta aaacataaag .aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
   tctgcttttt ctctggaaaa tcttttcattg ctttttggtgg aaatttacct agaggttaca 120
   accacaggat gtagcttggt ctcttatttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
   aggataaagg aaaaaagcaa tctatttcatt atataacaca gttgtttgta ttacttggtc 240
20 cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
   aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
   atagcattta aagagcggca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtatcggtt 420
   tgagatcatc ggcttaaaag tctcctagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
   ctagtgggtg ggatgacagg aatgagaagt gttttctttc catttctctgt tggacaggtg 540
25 gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
   gccttctggt catcctagga ctatttgagg ttctccaaaa ccttgtaaga ggcatgtcag 660
   gcatgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcaactg cagcataggt ctcatcttgg 720
   accatacagt ccacttttat agaagagggt ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780
   agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30 ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg cccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
   gggtggggcc aaggaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagttagacc tccagacgtc 960
   agcctccctc ccatggggta cattttcaat ctgagtggtt ttgccttagc tgtgttggtal1020
   tttagcttgat tgggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgtttagttt1080
   ttaggacttt gcctcttctt ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt1140
35 cgggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt1200
   gccttatgta tattatccca aatccactgc atgggttaaa tacaggcact ggaatataaa1260
   tgaaaaaggt cattacagtc actgactttc tgcaggacct taacacatttc tctttccacal1320
   agtttccctt taatcatgtg tcaaaccttc ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga1380
   atctgcataa cgcttggtat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagcl1440
40 atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat1500
   ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga1560
   gaggaaaaa aacacagttt ctgcattggt agtgtaaaagc ataccttggtt aggaacgtgt1620
   ttgtgaagac acatttggtt tgtcattcta gacatgtca aactttgtac ttcaaaatat1680
   atttagtatg attgttagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaaactg ttttatttaa1740
45 ttttcacaag aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct1800
   ttaaaataag ccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag1860
   gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc1920
   acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag1980
   actaacgtat gtgagacctt tttcctattt gcagttacaa ggtaaagaa ctttgaaggt2040
50 cattcggctg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctcc2100
   taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgctgttag atttaatttc tcaaaataag2160
   gcccttggtt gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcaccccat2220
   tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg cccagcaggc2280
   agggcatttg aagtcattgt catcaaaaaa aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct2340
55 taaaatgctt ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgctcat tctctttaa atcagggttg2400
   ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa2460
   ccaacactgt attcccagaa acatgacctt cgctgggtctt ggggtccacat atcattggac2520
   tctgggggac acaagatgc ctgtgacact ttggtgttgc cgagttagtc aacaattatt2580
   ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaagggcc2640
60 caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc2700
   cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct2760
   atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt2820
   ttttcttgat gtgctcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct2880
65 gtggtatgta tatttgtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga2940

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtgc tccaagtat acaggggagu3053
aagctagact cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggcat catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcctc3300
tacctgataa tgataatact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
aattttttaa tcaaaagatt gtacttggtc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaataa caaaagccat agtggttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtccagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaaaataat tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggcctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttactaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtggtgat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtag tagaaaggag120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctggtgtaga agtggaatg tcatacaggag180
tagcaaacac tcttggttcc tttttgcccc ggcttgcccc gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtggccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgctttgccag ggcttgccag caagaaggca gtggaggaa540
ttgcttacia atggagtgtt gaggatattg aactttcctg aggtgtgtgg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
tggagcccac acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaataattcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt..cagaggaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1068 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

cccctctctg tgactcagtc tctgagcgtt ttaatacgtat ggtgtcccg cgggatcaaa 60
cttcagcgtc acagctgagg actggcttcg tgggtccctga tgggagagca tgaacagggtg 120
gtatgtgaag cccttgagga ccagctcttc caaagtcaaa gccaaagacca ttgtgatgat 180
tcccgactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gctttcgagt tcctgaacca ctcagtgacc atgttgaggaga aggagagctg 300
cttgacagca atcaagattc agcagcttga agaggtgctg agccccacag gccgccaggg 360
agagaaggag gagcacaagt ggggcatgga gcagggccgg caggagctgt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac agtgaggaga tgcagcgggc 480
ccgcaccact cgctgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgacctc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggaggat gagatctcag agaacttggg gaacattcag aaaatgcaga aaacgcaggg 660
gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgcctgtcc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
ctgagtgata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
tgctcggggg cctgtcccaa ggctcagac ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
agccctccac tccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
cctttcagca agagcgcc ccccttcca ccgcttgag cagccgggac tgctctccct 1020
gaagaccct ccagagagaa aataaactag cccagaccct cctctaaa 1068

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4584 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

15

ctcgagccgc	tcgagccgcg	gaagtaattc	aagatcaaga	gtaattacca	acttaattgtt	60
tttgcattgg	actttgagtt	aagattat	ttttaatcct	gaggactagc	attaattgac	120
agctgaccca	ggtgctacac	agaagtggat	tcagtgaatc	taggaagaca	gcagcagaca	180
ggattccagg	aaccagtgtt	tgatgaagct	agggcttggg	gcaagagggc	aagcagcagt	240
tggtggtgaa	gatagggaaa	gagtcacagg	gccagtgcga	tttgggtgaag	gaagctagga	300
agaagggaag	agcgctaacg	atttgggtgg	gaaaagagga	attgggagtg	gtaggatgaa	360
acaatttggg	gaagatagaa	gtttgaagtg	gaaaactgga	agacagaagt	acgggaaggc	420
gaagaaaaga	atagagaaga	tagggaaatt	agaagataaa	aacatacttt	tagaagaaaa	480
aagataaatt	taaacctgaa	aagtaggaag	cagaagaaaa	aagacaagct	aggaaacaaa	540
aagctaaggg	caaatgtac	aaacttagaa	gaaaatttgg	agatagaaac	aagatagaaa	600
atgaaaaat	tgtcaagagt	ttcagataga	aaatgaaaaa	caagctaaga	caagtatttg	660
agaaqtat	aaatataagc	caaaaatttg	ataaaatagc	actgaaaaaa		720
tgagggaatt	atttggtaacc	aaatattttt	aaaagcccat	caatttaatt	tctgggtggg	780
cagaagttag	aaagttaaac	ttgagaagat	gagggtgttt	acgtagacca	gaaccaattt	840
agaagaaat	ttgaagctag	aagggggaag	tggttaaaaa	tcacatcaaa	aagctactaa	900
aaggactggt	ttcaatttaa	aaaaactaag	gcagaaggct	tttgggaagag	ttagaagaat	960
ttggaagggc	ttcaatatag	tagcttagtt	tgaaaaatgt	gaaggacttt	cgtaacggaa	1020
gtaattcaag	atcaagagta	attaccaact	taatgttttt	gcattggact	ttgagtttaag	1080
attatttttt	aaatcctgag	gactagcatt	aattgacagc	tgaccaggt	gctacacagall	1140
agtggattca	gtcaatctag	gaagacagca	gcagacagga	ttccaggaac	cagtgttttga	1200
tgaagctagg	actgaggagc	aagcgagcaa	gcagcagttc	gtggtgaaga	taggaaaaga	1260
gtccaggagc	caatgcgagt	tggtgaagga	agctaggaag	aagggaaggag	cgtaacgat	1320
ttggtggtga	agctaggaaa	aaggattcca	ggaaggagcg	agtgcaattt	ggtgatgaag	1380
gtagcaagcc	gcltqcttg	gcaaccacac	ggaggaggcg	agcaggcggt	gtgcgtagag	1440
gatcctagac	cagcatgcca	gtgtgccaag	gccacaggga	aagcgagtgg	ttggtaaaaa	1500
tccgtgaggt	cggaatatg	ttgtttttct	ggaacttact	tatggtaacc	ttttattttat	1560
tttctaatal	aatgggggag	tttcgtactg	aggtgtaaag	ggatttatat	ggggacgtag	1620
gccgatttcc	gggtgttcta	gttttctctt	tttcaggcct	atactcatga	atcttgtctg	1680
aagcttttga	gggcagactg	ccaagtcctg	gagaaatagt	agatggcaag	tttgtgggtt	1740
tttttttttt	acacgaattt	gaggaaaacc	aaatgaattt	gatagccaaa	ttgagacaat	1800
ttcagcaaat	ctgtaagcag	tttgtatgtt	tagttggggg	aatgaagtat	ttcagttttg	1860
tgaatagatg	acctgttttt	acttcctcac	cctgaattcg	ttttgtaaat	gtagagtttg	1920
gatgtgtaac	tgaagcgggg	gggagttttc	agtatttttt	tttgtggggg	tgggggcaaa	1980
atatgttttc	agttcttttt	cccttaggtc	tgtctagaat	cctaaaggca	aatgactcaa	2040
ggtgtaacag	aaaacaagaa	aatccaatat	caggataatc	agaccaccac	aggttttacag	2100
tttatagaaa	ctagagcagt	tctcacgttg	aggtctgtgg	aagagatgtc	cattggagaa	2160
atggctggta	gttactcttt	tttcccccca	cccccttaat	cagactttta	aagtgtctaa	2220
ccccttaaac	ltgttatttt	ttacttgaag	cattttggga	tggtcttaac	agggaagaga	2280
gagggtgggg	gagaaatgt	ttttttctaa	gattttccac	agatgctata	gtactattga	2340
caaactgggt	tagagaagga	gtgtaccgct	gtgctgttgg	cacgaacacc	ttcagggact	2400
ggagctgctt	ttatccttgg	aagagtattc	ccagttgaag	ctgaaaagta	cagcacagt	2460
cagcttttgg	tcatattcag	tcatctcagg	agaacttcag	aagagcttga	gtaggccaaa	2520
tgttgaagtt	aagttttcca	ataatgtgac	ttcttaaaa	ttttattaaa	ggggaggggc	2580
aaatatttgg	aatttcttgg	cagtggcctg	ttacgggttg	gatttgggtg	gtgggttttag	2640
gtaattgttt	agttttatgat	tgagataaaa	ctcatgccag	agaacttaaa	gtcttagaat	2700
ggaaaaagta	aagaaalatc	aacttccaag	ttggcaagta	actcccaatg	atttagtttt	2760
tttcccccca	gtttgaattg	ggaagctggg	ggaagttaaa	tatgagccac	tggtgtacc	2820
agtgcattaa	tttgggcaag	gaaagtgtca	taatttgata	ctgtatctgt	tttccttcaa	2880

```

5 agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggctctggc ctactgggct2940
gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgttttg gacatgtagt gtgtgggttct3000
cttttgggaat ttttttcagg tgatttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
10 gcaaagggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
atgcagagaa aacagctcct tggatgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattccttac tactgatgag aacattatct3300
gcataatgcca aaaaattttt agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
15 attttaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcga3480
aagaaatgaa aatgtttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tctgttgcct3600
cagacaggta tctcttcgtt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
20 gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcactctgca gtattgcatg ttagggataa3720
gtgcttattt ttaagagctg tggagttcct aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
ccttccctag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
gacttggtcc tgtgggcttc agtgatggga tagtacactt cactcagagg catttgcctc3900
tttaaataat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgc ttgatgcaa ctaaggaaat3960
25 ttgttttagc ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
tcagatgtta ctgctaaaaa ttacatgttg tgaatgaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
cattcaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaa ctgtctcctt4140
atttaaataa aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatcttgg gggggattct4200
tctctaactt ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
30 agcggaagaa cgaatgtaac ttttaaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaagggt aattacacat tttatttcca4440
gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga tttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
35 ttgcatgtt aacttttaaat gcttacaatc ttagagtggg aggcaatgtt ttacactatt4560
gaccttatat agggaaaaaga tgag 4584

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 982 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

65 gtggagggga cctgtggtt agcagcagct atcgcagcgt cggatgttca gagcagcaga 60
agccggcgctc gtcggatgtt gtgttgcctg ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

DE 198 18 620 A 1

atggatatgg	aacttggaac	tctgggacaa	atagaggcta	cgagggtat	ggctatggct	240
atggctatgg	ccaggataac	accaccaact	atgggatgg	catggccact	tcacactctt	300
gggaaatgcc	tagctctgac	acaaatgcaa	acactagtgc	ctcgggtagc	gccagtgccg	360
attccgtttt	atccagaatt	aaccagcgct	tagatatggt	gccgcatttg	gagacagaca	420
tgatgcaagg	aggcgtgtac	ggctcaggtg	gagaaaggta	tgactcttat	gagtcctgcg	480
actcgagggc	cgctcctgagt	gagcgcgacc	tgtaccggtc	aggctatgac	tacagcgagc	540
ttgagccctga	gatggaaatg	gcctatgagg	gccaatacga	tgcttaccgc	gaccagttcc	600
gcatgcgtgg	caacgacacc	ttcgggtcca	gggcacaggg	ctgggcccgg	gatgcccga	660
gcgcccgcc	aatggccgca	ggctatgggc	gcatgtggga	agaccccatg	ggggcccggg	720
gccagtgc	gtctggtgcc	tctcggttg	ccctccctct	tctcccagaa	catcatcccc	780
gagtacggca	gtttccaggg	gcatgcgagg	ttggggcgcc	ttcccggcg	gcttccggtt	840
ttggttttcg	ggtttgcaa	tggcatgaag	cagatgaggg	cggactggga	agacggggac	900
cacagccgat	ttgcaacca	agaagaagaa	gagaaagcag	ggcggcattc	tgattgagcc	960
agttagcaaa	gcagccgga	tt				982

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

ctcaacttcg	cacgactgcg	tgctcaagc	cgacgcagcg	gcctactctc	gcactgcaga	60
cggggaact	gaggcccgag	gcggccgggg	tggggcagac	ctcccggcga	gcccgaagcc	120
ccgcccccg	ctagccccgc	cctggcccg	aagaagcacc	cggggcgcga	ggcgaaggcg	180
cacagcgcg	ggccaggctg	ggtccagcag	cgcatggca	gctcagcggc	tgggcaagcg	240
cgtgctgagc	aagctgcagt	ctccatcgcg	ggcccgcggg	ccagggggca	gtcccggggg	300
gctgcagaag	cggcacgcgc	gcgtcaccgt	caagtatgac	cgccgggagc	tgacgcggcg	360
gctggacgtg	gagaagtggg	tcgacggggc	cctggaggag	ctgtaccgcg	gcatggaggc	420
agacatgccc	gatgagatca	acattgatga	attggttgag	ttagagagtg	aagaggagag	480
aagccggaaa	atccagggac	tcctgaagtc	atgtgggaaa	cctgtcgagg	acttcatcca	540
ggagctgctg	gcaaagcttc	aaggcctcca	caggcagccc	ggcctccgcc	agccaagccc	600
ctcccacgac	ggcagcctca	gccccctcca	ggaccggggc	cggactgctc	acccctgacc	660
ctcttgcact	ctccctgcc	cccggacgcg	gccagcttg	cttgtgtata	agttgtattt	720
aatggttctg	taacaataaa	aa				742

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2330 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

gtttggacaa gttgttttaa taggaaatag acctgctgct ttcataagggt tcctcaacca 60
cctttcctca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacaccca aatagcagac 120
taatcgtttt tctgcttagc acctctggtt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
aagaaaaatt tctctgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc cctctggat 240
tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
aggtctgaag aggagactac caaagcagtg tttacaaacc cagagtccac acaaccatat 360
tgcatagaac agcacttggc tttcacaagc ctccacagc acctgggtga attggagtga 420
aagggcagag acctgggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
cccaggggct ttggacatag agcaggtggg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
tcacagaaac cagctlllgt cacacagaaa tgagttctgt ctactgggtg acttcatccc 600
tcaggctcca gctgagcaga gattttaate agcttccctt atgggtattg acactgctca 660
ggaagcagta caccctgtca gggacagcta ttgatctttt gtgtctgat tagattggaa 720
aatagatcaa ctlcattgta gtccaggaac tgttggtcac agctactagg aatgaggtga 780
tttctgaggg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
agatgcattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttcgggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
gggataaact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagct1080
tttaaatga cgtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt1140
tattaaatca tatcttttgt ttttccccct ccttctaat ccccaaagg acctatttga1200
gctgttccct aattcatctg cttattttgg accatgaatc tgccagagtg atattttctg1260
ttattttctc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggcccct1320
taaggtgaca tcaggatgct cttatgtcct tccagaataa gcatacactt cactcctctc1380
cctttcatct cctctgcat tcttaattcc ttgcttttct cacttggagc cgagggtgct1440
ttagagaggt cgttttccat gaatcagcca agattcctgt agaagttggg tatacctatt1500
ccagtttcaa agctcctcgg ctatgcta atgtccctcag agatgaggtt tgacttttag1560
gcccgtatga clcctccata gcctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac1620
tctttatcct cagactgttt gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaal1680
cctaataact cagtgtatca gtgcattctg tggcaacagc tcagcccat caaagagcaal1740
ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gaggcctctaa tgttctccca1800
aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggac1860
atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatatc tgtgcctttg cctgtccttt1920
ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag1980
gtaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggagggcagg ctgtggggta ggagaggggt2040
ctgagaggag gcagcaatcc agaatacctc cttttctagc cagcatccct tgaacttttg2100

```


DE 198 18 620 A 1

aaaggttggtg cctaccactg gctggcacac cagggcactg atttccctg: acaaggaagg2160
aaagaatggtt ttcacccttg catccttctt gggagagctt acagcctgt tgcttcagtt2220
tgagttggtt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttctt cctgtggtt2280
tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggttcc 2330

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60
tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtggtcaa 120
gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggg aagtcgccag aaggagagc actcggtag 180
ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240
tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggt ggagctggac gaggaaaggg gggcccagg 300
ccaggttctc cagggaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatgg 360
ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420
ctgcgtgctg ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480
cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540
gtggcacgga tgcaagccc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaag tcacaatata 660
cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaagtgtt aacttcgcgc ccgcctgtt 780
catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840
cccctctgtg gtcagttcca tgcccttctt gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900
agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggccat 960
cgagaacaag atcattggtt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat 1020
ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta 1080
ccttatccac gctggtctgg agcccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca 1140
cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacctt 1200
cgtggaagac gtccttagcca agctctgtta aaccatttac ccgctggccg acctcctggc 1260
caggccaact ccggaggggg cgtacctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac 1320
ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag 1380
gtgaacctga agaaagcaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gagcctcacg 1440
gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt 1500
ttcacaaggt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg 1560
tcccggaggt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaacctt ctttccacca 1620

40

45

50

55

60

65

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgtatgt gcacttaagc cgtagctgct168
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct ttcttcttct tttgaagcag1740
 ttctctttat aaagtgttat tttgatatgt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800
 5 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttcctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60
 atttggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120
 caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180
 agcaacattg tcttattaaa gcatagttaa tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
 tattacatac ttcattacta ggaagtctct tttaaaatga cacttaaac aatcactgaa300
 aacttgatcc acatcacacc ctgtttatct tccttaaaca tcttggaagc ctaagcttct360
 45 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420
 taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagtga480
 gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcattgttg tttgcttgtt540
 gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttcttct atatggtttt600
 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagtttt660
 50 ccattcctaat agggaaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
 cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttaaggata tgtttaaata ttattttatg780
 tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1932 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
 aggcgggggct ctggcgagtt ctccctccac cttccccac cttctctgct caaccgctgt 120
 ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180
 caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctctt 240
 ggtctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
 ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcgggaagt gatgagagaa 360
 aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420
 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
 tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaagg aagcagaagt gcaagcaaag 540
 cagcaagcat gaactttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
 ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggccttaat ttgaaataat 660
 agattagttg ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
 ttatgggtgat tatggtgagg agaattggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
 atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaa gcatcctgta tacaccaatg attttataaa 840
 gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
 cattaataag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
 catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag 1020
 gtaatgttta tgatatgta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccattc 1080
 ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
 tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
 ttcattcagt ggacaagttc ctgttttaac tacacagcta tgatggaatg atatatcca 1260
 gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
 taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacagggtt 1380
 gcgatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt 1440
 tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt 1500
 tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct 1560
 atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaataaaaa agggcaactt ttaaaatatt 1620
 aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
 tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta 1740
 tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga 1800
 gatgcctttg tttcatgaga ttcaaacttg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt 1860
 ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaaggc gaccccccca gtagtgggccc cgcgcccggg 1920
 gatttttccg gg 1932

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgttta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttggt 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtcc cagctgggtcc tgtaacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaa 240
agggttatgc ttattgatga actctttagt ttgtttacca gctctgttag tatagttaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atggttgaag tccaataca tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggcctagttg aaatgcattt tatttacc 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagtgt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacaggtggg ggcagcaata ttggtgtgat 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtgttagctg ggcagaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctgggggcg acctttacca taggatgaag taaccttga 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct ttttttcttt tttaaagtaa tttccccac agtaaaatac actgactcct 840
gagtaaattg attttccagt tttatggaat tgggagctcg acaagtgaag ccaattta 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt ttggaattc tttcagattc 960
cagagatata ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaagg ccaaaaaggga ttgctttact ccaagaggag 1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtgg 1260
tagtttggga aaaataagat ggttaaattt tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt 1320
cataaaatag cattttcatt ttgtaattgt gtttaacatc cttgttggtt gccaaagaaa 1380
tttcatttgg cttgtgaatat tctatttgct tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaa 1440
gttggtgacc caagcctatt gtaaacaaat gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttacg ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct 1560
ggaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaaccctat ttatttccgt atattttagt 1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt 1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt 1860
tagtataaga tgtgccattt tgcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt 1920
tttattgcag gttttccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacgga aactagaagg 1980
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt ttctcctgat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actctggga atactctgga tccacataat ggagacattc tgatggaatt 2100
tgggcacctg tttccccac ctactccaat atttgctgga ggagcaaatg accggtgggt 2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcatgttgca agccttgctg atgataaaat 2220
ggtagggttc tggagaattg atgaggatta tccagtgcga gttgcacctt tgagcaatgg 2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag 2340
tgtgtatttt tgggccactc cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtcgcatgtc 2400
aatccgaaga tggatgccca cccaagaagt ccaggagctg ccgattcctt ccaagctttt 2460
ggagtttctc tctgtatcgt tttagaagat tctgccttcc ctagtagtag ggactgacag 2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta 2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa 2640

```

DE 198 18 620 A 1

tattatattat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaattt ttttaagat2700
ctaactgtga aaacatacat acctgtacat aittagatuu aagctgctat atgtiyaaig2760
gacctttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820
aataatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aatttttaat tctgggacac tgagtttagat2880
ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940
agtttgagac tagcctggca aacatgatga aacctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000
aaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 505 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

40

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccgggtcc gagtgcctgc cctctgtccc cgcggctggg 60
tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120
gtctgttgtt cccagcgtc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaaa gagggaaaaga cagaaaaaaa360
gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420
ggcaaaaagaa ggaaagtcag agagggagg agagtcagag atggaggagg tgcagagaga480
gggaaccgga ggtaggggaa gcgga 505

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60
HGYLCYSVLA FIAASSFRRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILE KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGL RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRITYNR 60
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120
MVIEGKKAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:	20
GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:	
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:	
LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:	
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVWSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAASRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTRVKLQ GGVHIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQWRRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

20

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQIA FFPLI 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

65

DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLI SMFESKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYVKWPR60
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAEFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120
SMERMLVENI LKI 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGGKTT QKQELKTSR HOGQLNEDKL KGKLSLENQ LYTCTQKYSP WGMKKVLLEM 60
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQSLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120
GTQHRELESQ LHVLSKLQG SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60
LHSESPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

20

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SCRPWVPHLQ RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

45

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

65

DE 198 18 620 A 1

5 FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMWLVCGSE PHPHATIRGS HGGRKVPHVS 60
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRRSVTV LRLARPIEPP ARSDINGAAV120
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180
 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVRRT ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240
 MSFLKLEKKG FGMVLLKKTL QVEERYYPYV RLEAMYEVID QGPIRRIEKI RQKGFVQKCK300
 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRAQVPP TRESRVKVL RLAATAPALP360
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV ARPMTTTAF TQRPWTPSP SHRPPTTEV420
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTRR PSKATSLEST TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
 10 FRDNRMDRRE HGHDPNVVP GPPKPAKEKP PCKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKK KMKNNADKL LKSEKQMKKS EKKSQKEKEK600
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660
 DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720
 KEYGMTYND FVLTVDVLR VKQYVEVPIT MKSVFDLIDT FQSRIKDMEN QKRGVFFEGG780
 15 KTP 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMVVGWVWFL RWERMCENLF QGNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWHTACLG VPRDSRPPTY60
 LSEARAAGHG PSAKPVCDAL GALVQEA 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60
 PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSTFIYF IMLANRT 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
AANFPWKRF SHILSHLKKT HPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPKDFHT SSPTSCKPTH PQPFEKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIFTHPL PPQKNPHTHN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFHHPK60
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:	
	20
HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY	57
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:	
	25
(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:	
	45
SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM	57
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:	
	50
(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTLTVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYF ISLLLNIFYT YL 52

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

20

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

TGTFCEFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR 38

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHGHK LNYYLNLKLF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPND FQLLLSLPEE TVVKS 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
QTCRHGDRGL WTAAAHFWRE LRSGTARKSI KSQNSVFVS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPCLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
CQELFTLSAN FTSTVSSMK RLGTAIINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELAAF AAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGRG TFRAHTCRAG GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60
SAGLALYLHT RTAASRGTSF SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120
WNSEEIQQQI WIPSVFIGER SSEYLRLAFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KOIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCAAYH SRCVDPWLQ TRKTCPIKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPEEKT LKKDEENDSK180
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNROFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNMKYKK300
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAAH360
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSH PQDSM ELVHKQSKAV AVTSMSFPVG420

60

65

DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGFITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSF480
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLFAC VGGMGALDLW NLNNDTEVPI540
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLSS SIFP

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:		
KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN	50	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:		
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		15
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:		
CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60		35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:		
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		40
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		45
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		50
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:		
EESFVFLIES FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60		
EKGITLS	67	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:		
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren		65

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FELGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCFYS RSLKIIIVYL LSITLGK

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP

54

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPHVHG GSGVFKPLFL FQKPT

45

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPMGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV

43

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYSI STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60
DPRNTFPASY PKCF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAAS RFPQPDITIGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60
KSDLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LRLMMDPLTC130
LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMNPLFV'GSI PKSKTKEQIL240
EEFSKVTEGL TDVILYHQPD DKKKNRGFCF LEYEDHKTAQ QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKVQ GIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPYQ NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLPOSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSIILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKWVVS GGRPVGFAFG YCYLGAHSKC60
SGVWDSKPGF FRHLTNS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLP R NTSLRECKKY YWRWKSRTA MGRPRGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:	
RAETRSQGQL NEDKLGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGV160	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:	
(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:	
SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPFA SDLL	44 40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:	
(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:	65

DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHFVNHT SEIYMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCFCMRIG0
RSFSLSPLE PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPLPVSCCT KSPSLSSFRY IVRQGRRLR 60
RRAFEALSTL PASVKMRLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQLHTYP FPAAQSLHLS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120
LSAHCQPA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL

46

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

YLSLCPCWPG NFFQWCLEE VFSSCHFCKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL

55

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

RGPGLLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHREWPLIP NSFPHNSVFL60
VSMKCLES HR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI

95

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGGQH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:	
EANTFLSEDG SNVLQCPVSF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVLSQAT FSKEGVPLPA60	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:	
(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren	15
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	20
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:	
PTTTLVIFLF FLSSRRKKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTPTY FSEVLLFHGV60	
TLLSESKFEK QVLPLADKNH TSFL 84	35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:	
(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren	40
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:	
CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQTECAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60	
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120	60
GGLCEGKD 128	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:	
	65

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGEQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTS DL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPDS WQDSAGRPQT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60
GPQNPGNL 68

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRVCQSL 60
INLDGKLHQB VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120
INLGPVMLIS EGTTSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

60

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60
AGDRVTPAVV AYSENEIIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDFGE180
KQKNALGEAA RAAGFNVRL IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60
YKRAEERRIV PNGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDQ QLVIEAYKSG120
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDLEKFGG KSKGKLWPF I KKNKLMSLLT180
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLSSV FWIFMTWEL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60
 EEKKVNIITL AETGSLDFRT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120
 NHHYYIFFLF FLMSVCGWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180
 ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLRTPY NLGFMQNLAD240
 FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPSST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSOI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEPGQCFPS PWAWSLHSGK60
QTSGPFPKSQ ECLAAWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHVVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQQDTALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPHRFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPGSPFS EHREAATARE 90

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLN I SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVFLVRTRR GCQMLKPSG LVWPRAAGQG 60
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120
QELSKVPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60
ILSHVFRKYF RKFLNQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRMG VRGPPFISLF60
SIRWQSTGHP WWVSGPRMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RSMSVEASFV CLGTTGRCCW WSCRLEFSNP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60
LPVQHMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLSSPNDKK SFCISIEGEWN GVMYAKYATG ENTVEVDTKK 60
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAACH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60
PFVKTLKRAK NLPTV

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
QTDIQTUNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPSST PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGF RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

DE 198 18 620 A 1

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:	
	20
GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP	44
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:	
	25
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:	
	45
NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGSHW LRSLCSRCD LPAFRKPAAI60	
SVHPWKRSVQ NAGS	74
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:	
	50
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRGLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

10

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQRRGGLQ ARRSTLLKTC 60
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120
DQYNFSSSEL GGDFFEMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180
TLP 183

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVFHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNNGAAKEP PPPYVSA 157

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

45

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GKGIQGMGRP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRNP SLNLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLLCSSAID CPDVQRETH60
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMSACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEV60
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

35

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLKLT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALPVTHTMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGVP AAKELSFSPR NGRRGQLPRP PGSLTLLFF SSPASRGPAS 60
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
KTVKGPDLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLVPW ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLIF PTEMMSQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60
IMNTRHAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTTPEDYRL180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSKINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNNR60
FLQPQGSMTS SACHKEGW 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSRGFG RGFKGKYSYG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120
GWGPYLDGRM PGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRSRSHVVR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILEFK CFKIQSIVFK 60
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHL L SGA 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSSIIKE60
LCFYQRLPS EFLHKLMPSL QL 82

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

65

LMCLNLLRRT FYSATDFRDE FALDR

25

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVENFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLSANS SLKSVAE

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 55 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPSLGL FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

HAEQHMSILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60
SFLLRNPNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TLLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGYLGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60
PWALSPCCSQ HGPHTSRLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

5

LKQHSNQHNN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPLD LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

10

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

30

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

35

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

55

KFQCPLIVLS AHSIAHLEFY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

60

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTFF60
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

YVSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60
ISRKPMECSN EEVVNQGQSD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD6U
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLF LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEK PKDKNQRMG SVTGSLSIL NPIEYCGLTK60
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

20

LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

GFLIKYKLNK LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS

30

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60
PFPCYQLIW KLTIIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		10
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:		
SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL	50	20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:		
(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren		25
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		35
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:		
VLSAHGLAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL	50	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:		
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		50
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		55
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		60
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
		65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPSKHHHTKS60
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGMLS HPFLPHSYSL TLMAKARDAG PKGKNVLSVF60
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:	
GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60	15
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVSGGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120	
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:	20
(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	25
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:	40
HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60	
CCLRILFLC 69	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:	45
(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	50
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	55
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	60
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
	65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTHKI QNNSIITRLL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCYF N 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRSRIT PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSRGCRQG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180
 LKRDVGDP?LV VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240
 QALHARH?HD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQLGRLVHP300
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360
 SQRANLPTL LERSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGWS SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWWEG GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

- (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

```

SES LTHPGEE PGGPPPGGAP T MATPLVAGP AALRF AAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
SLRAVAPGLV RYRHHRLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180
KALPTPQAQQ LQDVLSWMQP GVSITSSLA W ROYGVD MGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
PQQQR LALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHEN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL L PPRARKPVCP PSLCSSVITI GDLVLDSDEE420
ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSR PL 472
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

```

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSE FGGEVFQNH 60
EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPENRSEA LKVSCGKCGN120
GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

```

SYGATAAFLS RSEASYFRTD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWASQGRV QRQGEKKVR120
V 121
    
```

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGVWVAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNARFK VILENLAPPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYFL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKIH 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

60

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAAIFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSPHP TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60
FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESE TNCRLGSTNC IT 112

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

10

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

DEKLSSKMYS ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

35

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

55

GSSEGSYSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSFSPSVN 60
GHRCVAQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

60

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RSWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60
IALLGTAWKV QAFLLARSGL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WURLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60
LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180
AIVAETCSPE TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240
LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFQCED SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300
LRVAIGPCRM LOYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDCKNHLI360
IRLMNLGL 368

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFTLCQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLVYIMFN ICQSILQVCS 60
FISIKYGYIV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120
I 121

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

40

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFFFFGNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60
YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

65

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFSIDQ TEFRIIPRLI420
IQIWDNDKFS LDDYLGFLLEL DLRHTIIPAK SPEKCRLDI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGGWPCYA EKDGAARMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
SELWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLEL LILLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNEC DYVKEVDFTD60
NGAEANISKR NPNFFP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:	
FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGS EGKELFEQMC60 VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:	20
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:	
TRSLLYFHMFLILWEEVGIPFTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:	45
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:	65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLFNLECYV LLEPAICMYR INNFYSGQV ILRQSQWQK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWICWT KNYKRVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60
TLWRLRLV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQOD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 LNVDLLITRR LCEKIYVYIIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60
SNYHCNDNLS HVYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- 30 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

50 RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLYVK60
IFPLFKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

55

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:	10
KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTLSSIM IYHCAINQKN60	
QVRNTIKTTL KGKNF	75
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:	15
(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:	35
NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60	
MVIRATYVNA CL	72
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:	40
(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:	60
THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFLHSL60	
YFRLKIDSFL VLTLTLEGT VPGKRSRFTV PNH	93
	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQQKV ELEMAIDTLN60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRP RPERSAQ S APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GVYLLYSQVL180
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240
RARAKLNLSP HGTFLGFVKL 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60
FRDLSPLSQA SRASELCSSG LCQGYSPFPW EGPPVPCSR L TSLLRLCSSV CWVSRAMAQA120
TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180
AGRVRVRVAV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRA SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60
RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EETAVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASQAAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPPASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSVAVKPO 60
PATPDSTGLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

DE 198 18 620 A 1

RTEEEKKKKE KNQQPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VMSIQLRLF FKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMCKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTFRAPGL FLLLFSEWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSCTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWNGMRKRG GEEGRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEGDASQ QEGCTLGSDP ICLSESQVSE EQEEMGCQSS AAQATASVNA 60
EEIKVARIHE CQWVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGEGGQES FEELPSEL 108

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

30 KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60
GLEHPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- 35 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

55 TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVFSV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNEL VTACMQPLSV120
PL 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

60

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDTDTFTCQ KDGRWFPERI 60
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVMNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQEN RQWSGGVAIC180
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHPVPLCKP240
NPCPVFFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLLQGHG IITCNPDETW TQTSACEKI300
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWS PPICRAVCRF360
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCCEPIC ILPCLNGGRC VAPYQDCPP GWTGSRCHTA420
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRRTGF 457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLOK QAQTQTSPEH LVLQQKQVQP QLQQEAEPOK120
QVQPQVQQA HSQGPQVQL QQEAEPLKQV QPQVQQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

```
GRAGRRATMF SQQQQQQLQQ QQQQLQQLQQ QQLQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60
GVSGGPPQQP QQPLLNLQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG YGMASPGGLAA PSLTPPQLAT PNLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMPNPSQF180
NLSGRNPQKQ ARTSSSTTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAEPRMD TPEDQDLPPC240
PEDIAKEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GQLQVKAQPQ AG 292
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

```
PRRLPSVAVG MVRPAVSIVA GGIANWSSPC NCKSKALCR MEPLRREAEL VPWRFRSGCC 60
GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSCSNCC CCNCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCWL120
NMVARLPARP QRSSRPHGWA GPAAPTFRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVEVSHEQP RGGEDAAAQE PRQFEPELG 60
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KQAGSDLRR RRRCLCPHAC SQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWLWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
ARAFAGAQT S CPGGPEAGQC QAQGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHHP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLEAEES GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRLQTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
STVLECF 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHMMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLEGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFUGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTG EKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCLCP 60
LPQPSHPSHL RKVTPQHSI CRQVPPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIOQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRPDIK120
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60
MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120
SEEMQRARTT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180
KMQKTQVKCR KILTKMKQOG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
SWSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQIQ AASGAGPLHL LTVTQGLLOP 60
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
CCYNCCKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKCTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SETTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFLIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTASTSRTEP GPVARSSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

(A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLP TMSYTGfVQg SETTlQSTYS DTSAQPTCDY 60
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMA TSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSErDL YRSGYDYSEL180
DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
QCMMSGASRLA LPLLPEHHPR VRHVP GACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAALLTGSi RMPPCFLFFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
PLEHAVLGDD VLGEEGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRS GH PGPSVPWDR120
RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGOARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSH TFLHLS180
RTRL LASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60
TARGQAGSSS AMAAQRLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEER SRKIQGLLKS CGKPVDFIQ180
ELLAKLQGLH RQPLRLQPSF SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVFASGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60
LLSESPSTPQ PASWCLEFSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSME ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60
CWPRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTMK LIYFPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFPPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVWEKEG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPDDW HSDSQLWFEW NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYL180
WHGCKAQAHK KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCCLS DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGW FLEIFSAVL 60
EHS LHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KECWLGRAV QIFLQEGHGT120
DHRGSGSRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQIIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPE120
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAlVEFQD VPDHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQQHTQFP S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLEFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLELL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPI3FFAKLI LLEFYKSNQDS FFRMLKZQCL RFMLAALLAL60
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHSP RDTGFH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHHDVV 60
ACDFSPDGAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120
HDGLHVASLA DDKNVFVWRI DEDYPVQVAP LSNGLCCLAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180
PEQVPSLQHL CFMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNOGKMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTENK GKTGDZEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

```

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
LPEYKLLLAFL SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
AERWEQQTRR PGRSWTKN                                     138

```

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

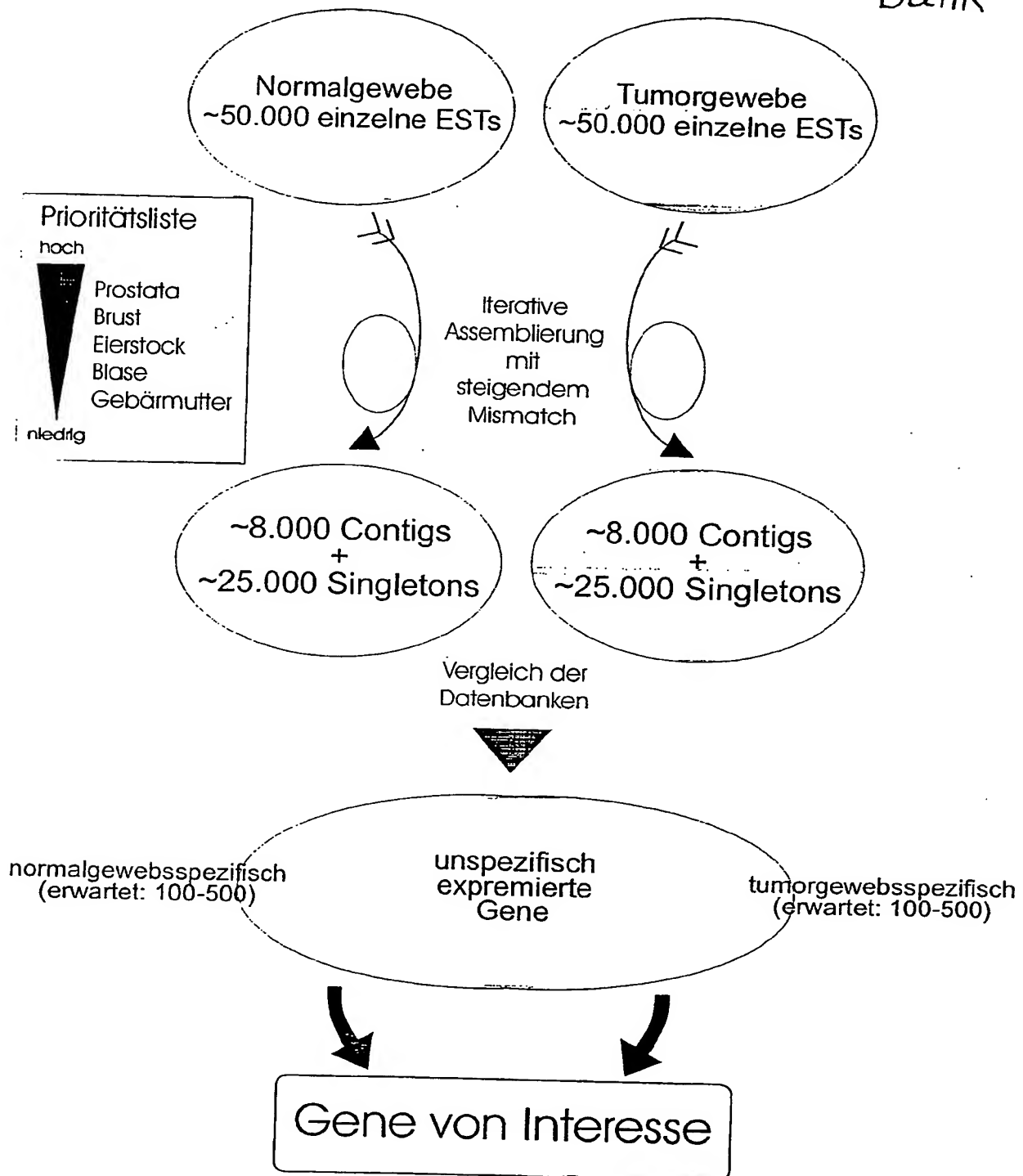
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten-
bank

Fig. 1

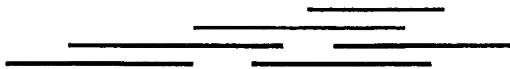
Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)

Contigs



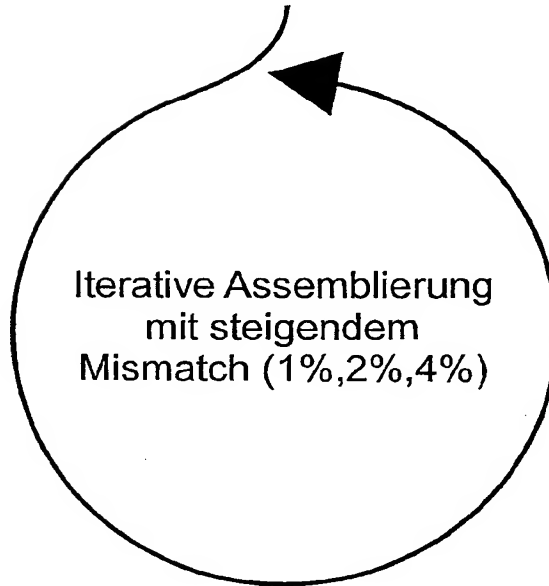
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs

~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

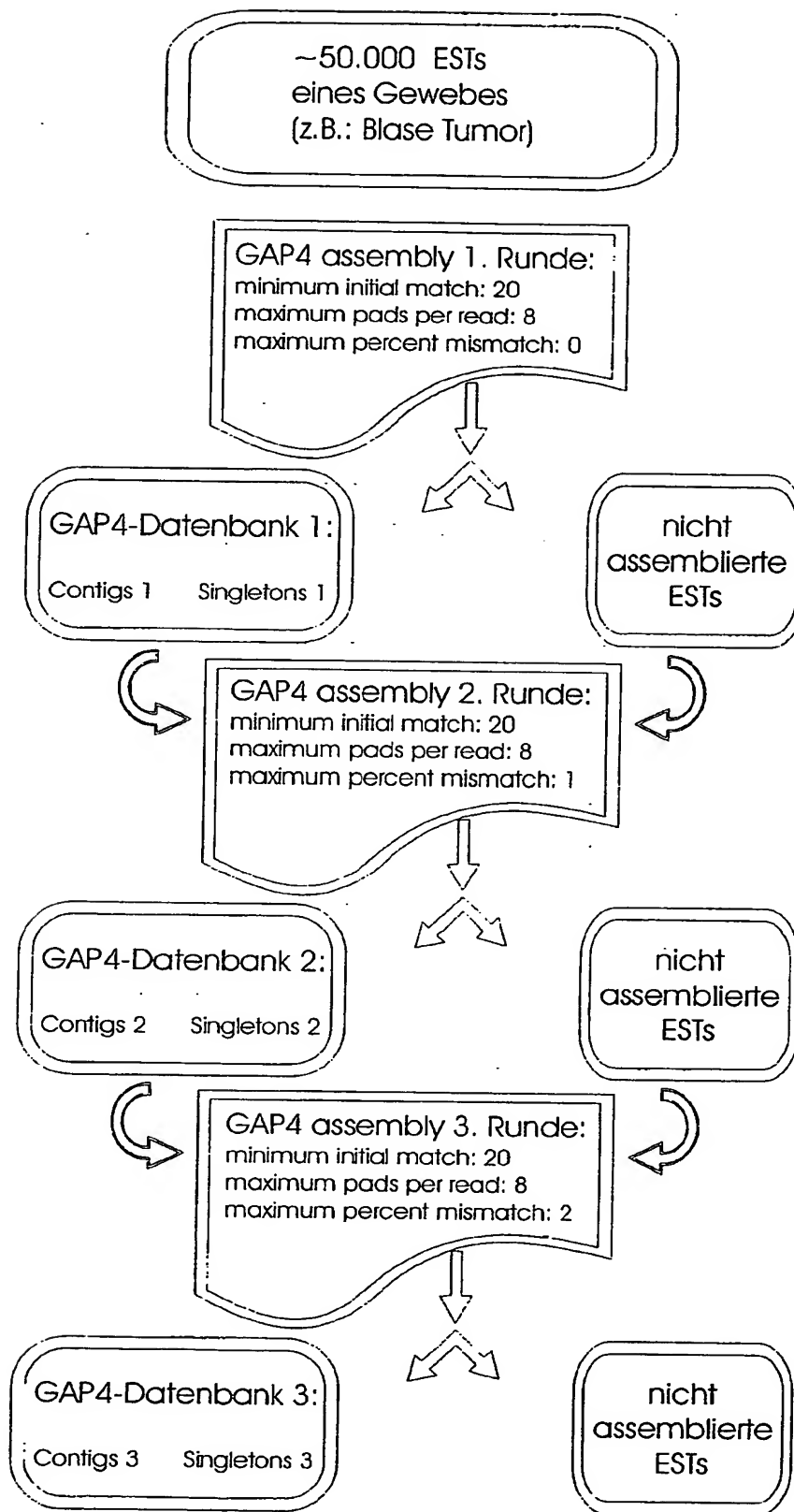


Fig. 2b1

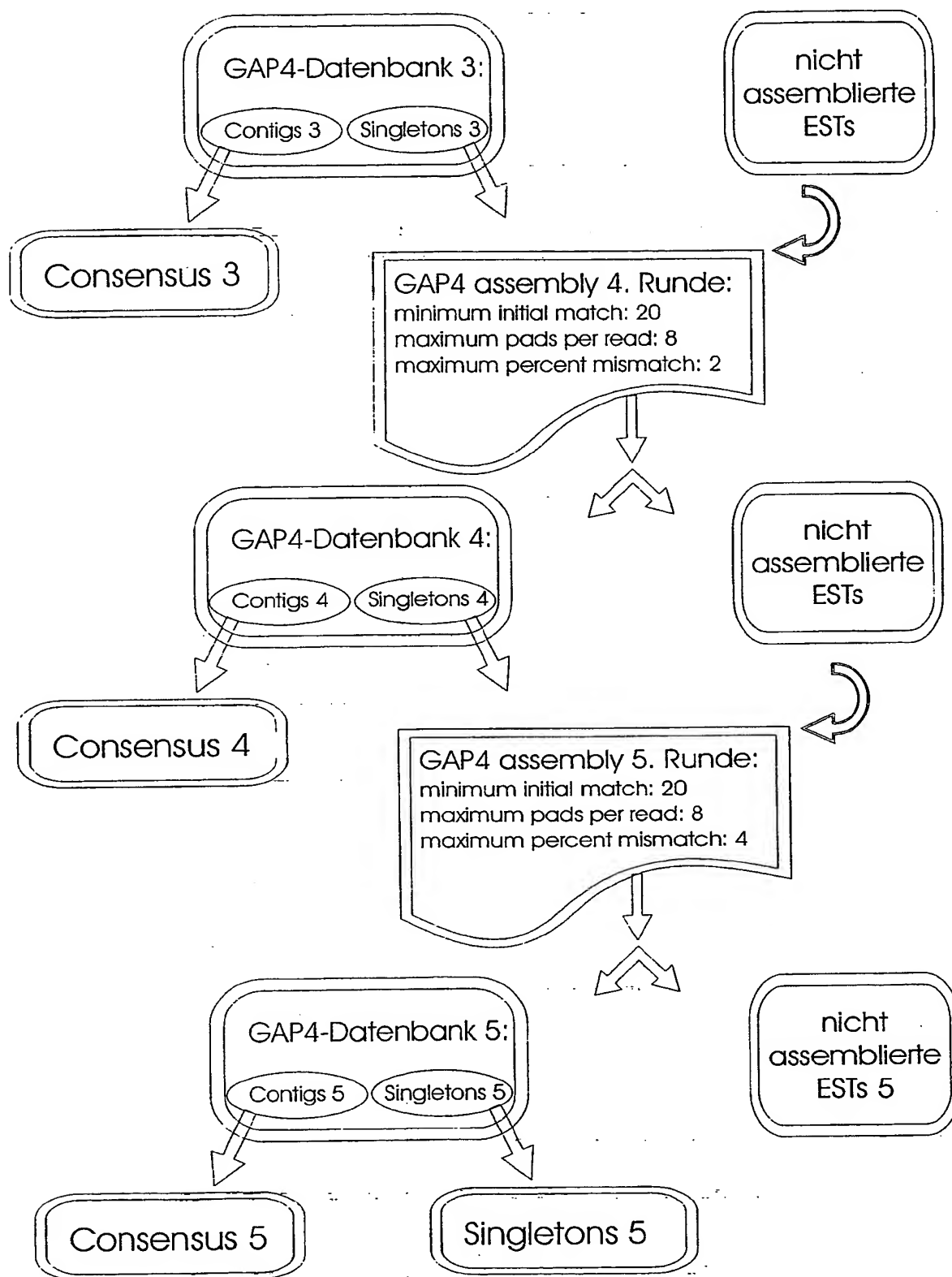


Fig. 2b2

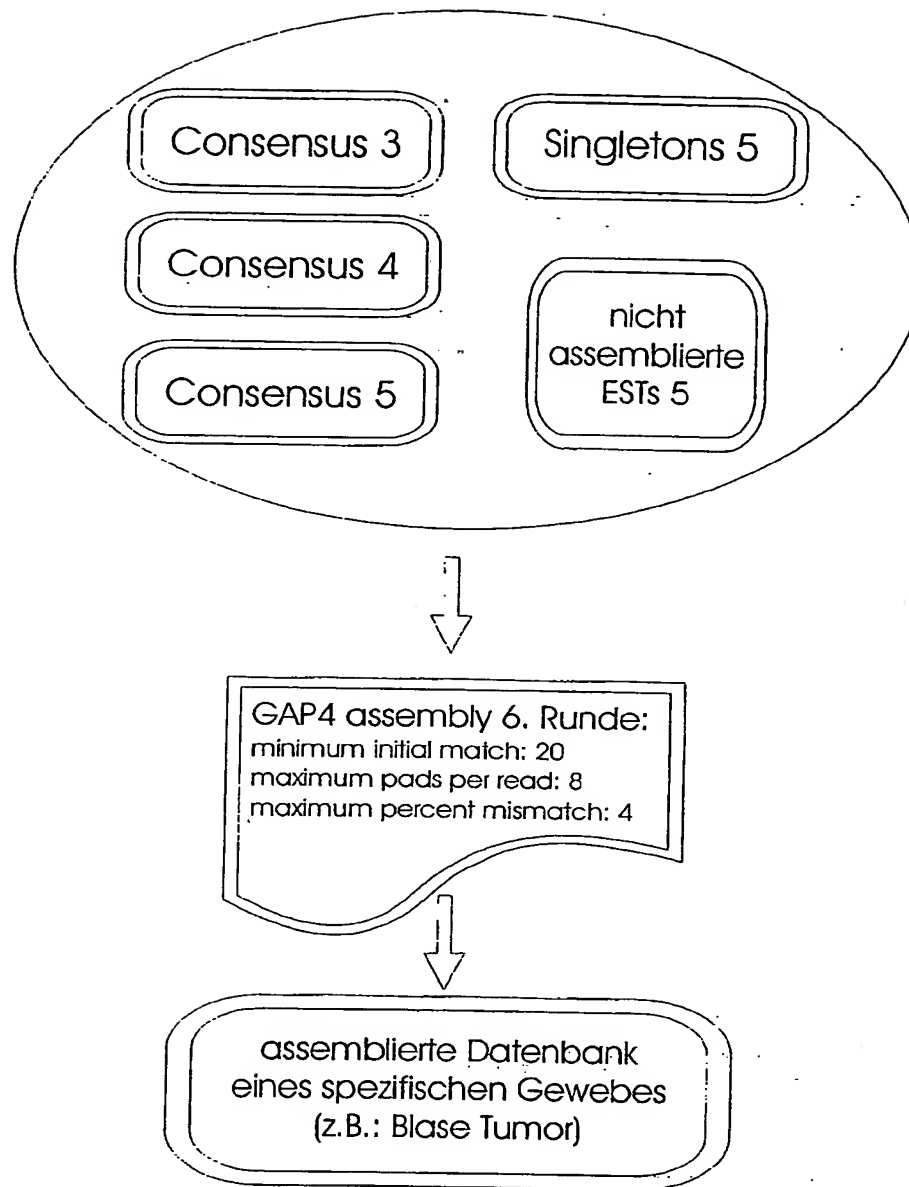


Fig. 2b3

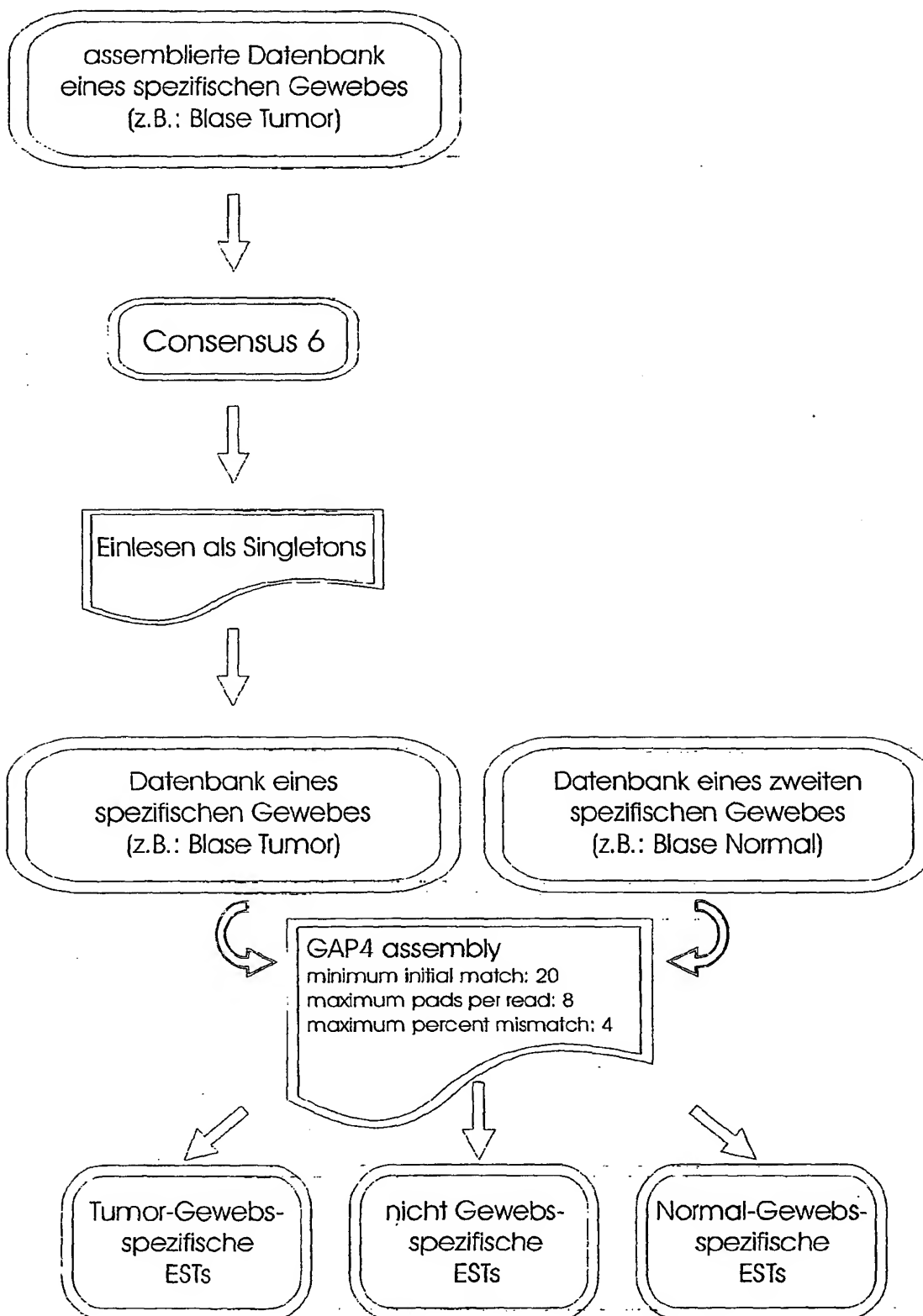


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

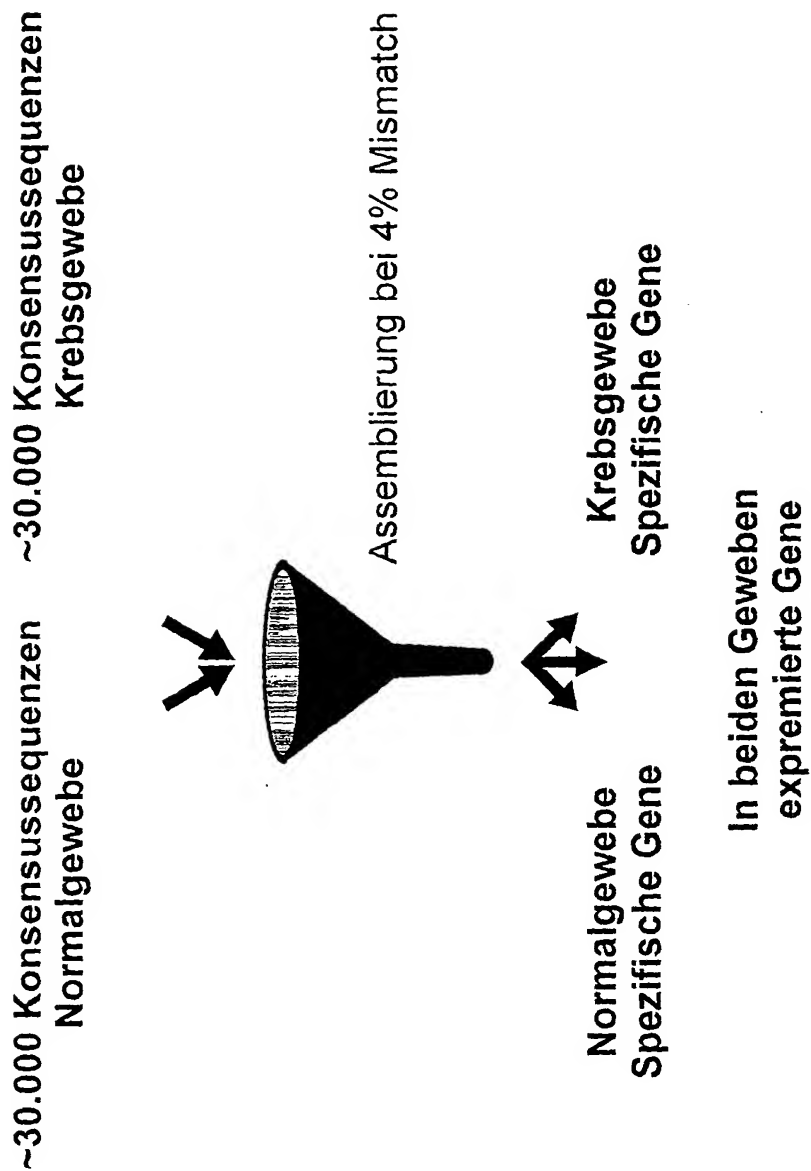
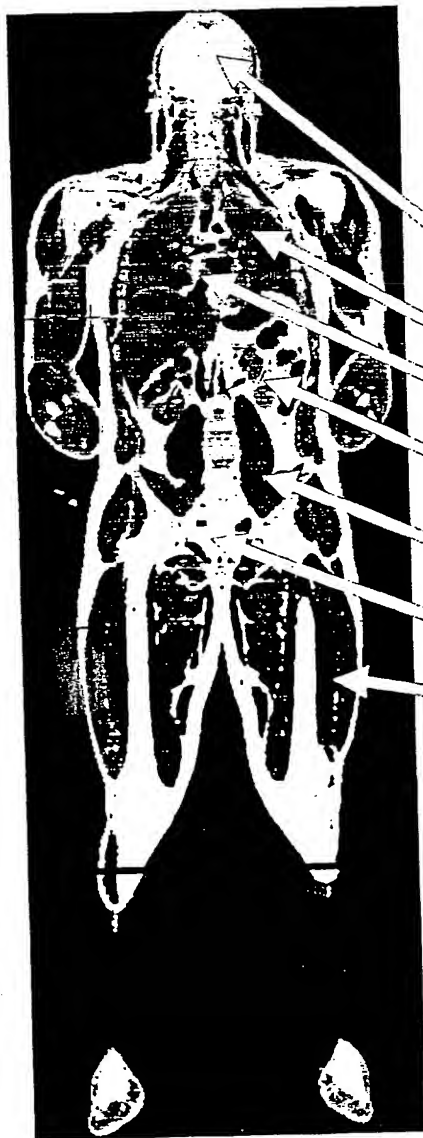


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

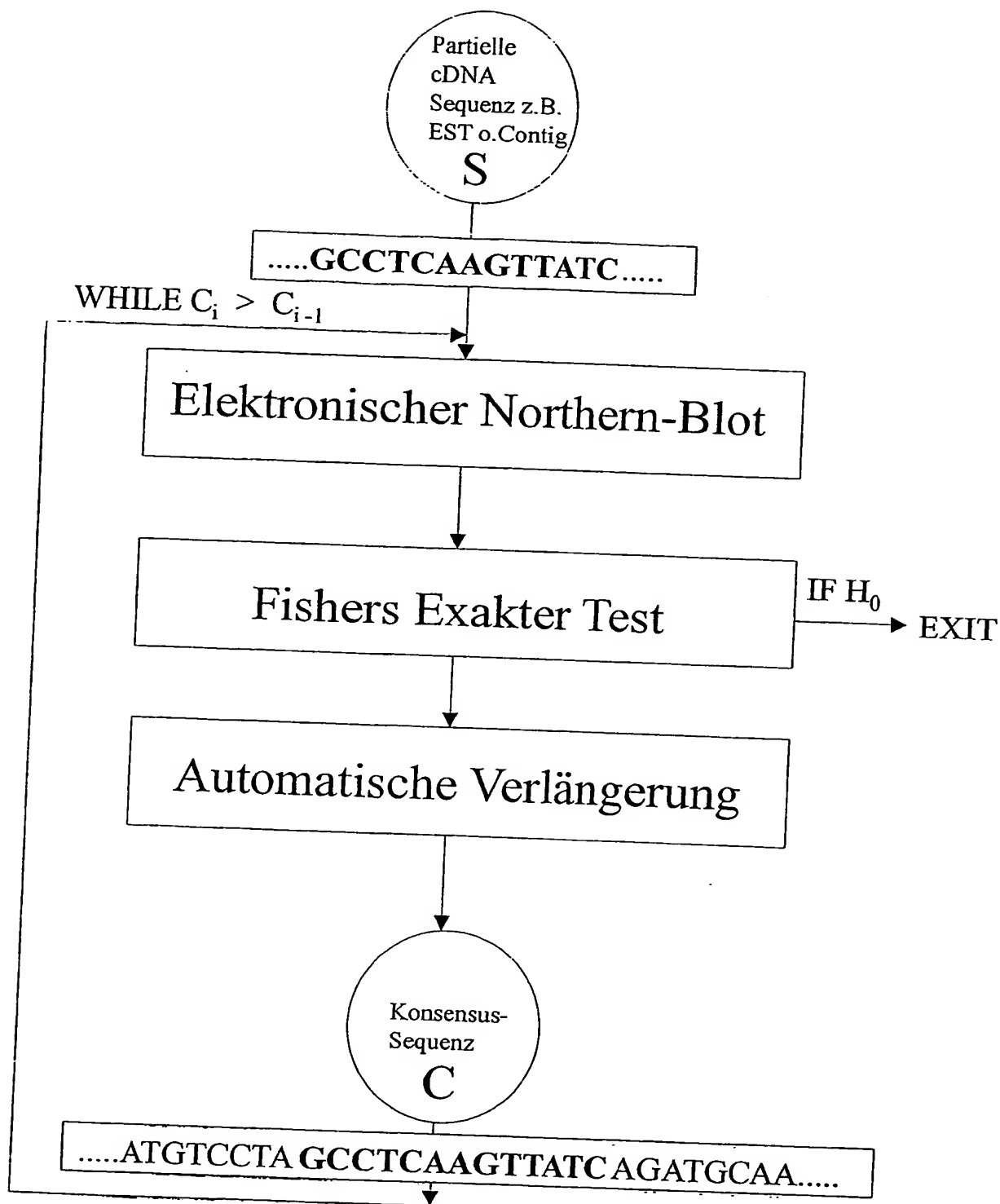


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5